

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ

SAIHONARA PEREIRA

**COMUNIDADES BACTERIANA E FÚNGICA EM DIFERENTES SOLOS
AGRÍCOLAS BRASILEIROS**

DOIS VIZINHOS

2025

SAIHONARA PEREIRA

**COMUNIDADES BACTERIANA E FÚNGICA EM DIFERENTES SOLOS
AGRÍCOLAS BRASILEIROS**

Bacterial and Fungal Communities in Different Brazilian Agricultural Soils

Projeto de Trabalho de conclusão de curso de pós- graduação apresentado como requisito para obtenção do título de especialista em Biologia Molecular com ênfase em Bioinformática da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).

Orientador(a):Deborah Catharine De Assis Leite

DOIS VIZINHOS

2025



[4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Esta licença permite compartilhamento, remixe, adaptação e criação a partir do trabalho, mesmo para fins comerciais, desde que sejam atribuídos créditos ao(s) autor(es). Conteúdos elaborados por terceiros, citados e referenciados nesta obra não são cobertos pela licença.

SAIHONARA PEREIRA

**COMUNIDADES BACTERIANA E FÚNGICA EM DIFERENTES
SOLOS AGRÍCOLAS BRASILEIROS**

Projeto de Trabalho de conclusão de curso de pós- graduação apresentado como requisito para obtenção do título de especialista em Biologia Molecular com ênfase em Bioinformática da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).

Orientador(a): Deborah Catharine De Assis Leite

Data de aprovação: 06/Junho/2025

Dra. Deborah Catharine De Assis Leite
Doutora em Ciências (microbiologia)
Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dra. Laís Feitosa Machado
Doutora em Ciências (microbiologia)
Universidade Federal do Vale do São Francisco

Me. Alex Batista Trentin
Mestre em Biotecnologia
Purdue University

DOIS VIZINHOS

2025

Dedico este trabalho ao meu Pai,
que sempre me incentivou e motivou.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente sou grata a Deus pelo dom da vida e pelo amor que tem por mim, sem Ele jamais conseguiria nada. Agradeço aos meus pais por tudo o que fizeram e fazem por mim e por sempre terem me incentivado na educação. Em especial ao meu Pai que já não está entre nós, mas que ficaria imensamente feliz com mais uma conquista minha.

Agradeço ao meu marido, meu companheiro que sempre me apoia e me incentiva e me encoraja.

Agradeço à professora Deborah Catharine de Assis Leite por acreditar em mim no desenvolvimento deste trabalho e sempre estar me orientando.

Agradeço ao Filipe Guarany, Ianna Guarany e Marco Aurélio Guarany pelo incentivo e apoio no desenvolvimento deste trabalho, pelo investimento e por disponibilizar o uso dos dados do laboratório de metagenômica Agrinor tornando possível a realização da pesquisa.

Agradeço a minha equipe, Maria Vitória Oliveira de Carvalho e Evelyn Aparecida Carvalho de Oliveira por todo trabalho de bancada e pelo amor e dedicação a pesquisa.

Enfim agradeço a todos que já passaram por minha vida e me passaram algum ensinamento e motivação, cada pessoa teve e tem um papel importante na minha jornada.

RESUMO

O *metabarcoding* tem revolucionado a compreensão das comunidades microbianas do solo, revelando a complexidade e a importância desses ecossistemas para a saúde ambiental e agrícola. Este estudo teve como objetivo caracterizar e comparar a diversidade microbiana de diferentes tipos de solo de estados brasileiros, utilizando o sequenciamento de *amplicon* das regiões 16S rRNA (para bactérias) e ITS (para fungos). Os resultados revelaram uma comunidade diversa. Entre as bactérias, os filos *Actinobacteria* e *Firmicutes* foram proeminentes, sendo o gênero *Solirubrobacter* sendo o mais prevalente e *Bacillus* o mais abundante, ambos microrganismos são associados à transformação da matéria orgânica e solubilização de potássio. O gênero *Streptomyces*, conhecido por sua produção de antibióticos e degradação de biomassa, também foi um dos mais abundantes. Na comunidade fúngica, observou-se a predominância de *Microidium*, associado ao oídio. O gênero *Fusarium* foi o mais abundante em média, reconhecido por seu papel como patógeno vegetal, embora também inclua espécies saprófitas. O gênero *Trichoderma* também se destacou como um dos gêneros mais abundantes, demonstrando seu papel consolidado como agente de controle biológico e promotor de crescimento vegetal, por meio de micoparasitismo, antibiose e indução de resistência. Este trabalho descreve a complexidade e a importância de conhecer o microbioma do solo brasileiro, demonstrando os principais gêneros e espécies mais abundantes presentes nas amostras e relacionando esses gêneros e espécies com seus potenciais na agricultura.

Palavras-chave: *Metabarcoding*; Diversidade Microbiana; Solo; 16S rRNA; ITS; Biorremediação

ABSTRACT

Metabarcoding has revolutionized our understanding of soil microbial communities, revealing the complexity and importance of these ecosystems for environmental and agricultural health. This study aimed to characterize and compare the microbial diversity of different soil types from Brazilian states using amplicon sequencing of the 16S rRNA (for bacteria) and ITS (for fungi) regions. The results showed a diverse community. Among bacteria, the phyla Actinobacteria and Firmicutes were prominent, with the genus *Solirubrobacter* being the most prevalent and *Bacillus* the most abundant. Both are microorganisms associated with organic matter transformation and potassium solubilization. The genus *Streptomyces*, known for its antibiotic production and biomass degradation, was also among the most abundant. In the fungal community, *Microidium*, associated with powdery mildew, predominated. The genus *Fusarium* was, on average, the most abundant, recognized for its role as a plant pathogen, although it also includes saprophytic species. The genus *Trichoderma* also stood out as one of the most abundant genera, demonstrating its established role as a biological control agent and plant growth promoter through mycoparasitism, antibiosis, and induced resistance. This work describes the complexity and importance of understanding the Brazilian soil microbiome, highlighting the main and most abundant genera and species present in the samples and relating these genera and species to their agricultural potential.

Keywords: Metabarcoding; Microbial Diversity; Soil; 16S rRNA; ITS; Bioremediation.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1-Fluxograma geral das etapas do estudo	18
Figura 2-Fluxograma do preparo da biblioteca e sequenciamento	23
Figura 3-gêneros mais frequentes de Bactérias e suas abundâncias médias ...	25
Figura 4-gêneros mais frequentes de fungos e suas abundâncias médias	27
Figura 5-10 espécies mais frequentes de bactérias e suas abundâncias médias	29
Figura 6-10 espécies mais frequentes de fungos e suas abundâncias médias	30

LISTA DE TABELAS

Tabela 1-Amostras de solo	19
Tabela 2-Sequências de primers para as regiões ITS1 fúngica e 16S rRNA bacteriana.....	21
Tabela 3-Análise de Diversidade	32

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	10
2.	OBJETIVOS.....	12
2.1	Objetivo Geral	12
2.1.1	Objetivos específicos	12
3	REFERENCIAL TEÓRICO	13
3.1	Microbioma do solo.....	13
3.2	Sequenciamento de <i>amplicon</i>	14
3.3	Aplicações Biotecnológicas	16
4.	METODOLOGIA	17
4.1	Coleta de amostras de solo e extração de DNA.....	18
4.2	Amplificação por PCR do gene 16S rRNA e região ITS	20
4.3	Construção da biblioteca e sequenciamento	21
4.3.1	Preparo da biblioteca 2 × 150 lseq.....	21
4.4	Análise Bioinformática	23
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
5.1	Classificação e Identificação taxonômica.....	24
5.2	Análise de Diversidade.....	31
	CONCLUSÃO.....	34
	REFERÊNCIAS	35

1 INTRODUÇÃO

O Brasil, com sua vasta extensão territorial e diversidade de biomas, é reconhecido como hot spot de biodiversidade global. Uma parcela crucial e ainda subexplorada dessa riqueza reside na vida microbiana que permeia os solos brasileiros (PROCÓPIO e BARRETO, 2021).

Um indicador chave da sustentabilidade dos solos, são as comunidades microbianas do solo. Essas comunidades desempenham um papel vital na sustentabilidade do solo (HARTMANN e SIX, 2023) e na produtividade das culturas, fornecendo serviços ecossistêmicos cruciais (BARDGETT e VAN DER PUTTEN, 2014), como a reciclagem de nutrientes, a disponibilidade de nutrientes para as plantas (POONAM SRIVASTAVA et al., 2017), o sequestro de carbono e o controle de doenças através de mecanismos diretos e indiretos (KRAUSE et al., 2023).

As tecnologias de sequenciamento de última geração revolucionaram os métodos de estudo da diversidade das comunidades microbianas do solo, permitindo o perfilamento de comunidades em alta resolução.

O sequenciamento de alto rendimento baseado em amplicons visando genes de 16S rRNA e ITS é a abordagem mais frequentemente usada para gerar perfis gerais da diversidade dos microrganismos em vários ambientes (YARZA et al., 2014).

O sequenciamento genético do microbioma do solo desponta como uma das mais promissoras ferramentas para a agricultura sustentável, ao permitir a previsão da saúde do solo, o diagnóstico precoce de doenças e o aumento da produtividade (EMBRAPA, 2025).

Contudo, a aplicação dessas tecnologias para desvendar o microbioma dos solos ainda apresenta desafios (BECKERS et al., 2016).

Um destes desafios são a utilização de bancos de dados de referência, a precisão da identificação taxonômica depende fortemente da completude e da curadoria dos bancos de dados de referência. (MEGANATHAN, 2022).

Neste trabalho, foram avaliados os microbiomas bacterianos e fúngicos presentes no solo de diferentes áreas produtivas em cinco estados brasileiros. Para isso, foram utilizados os marcadores taxonômicos 16S rRNA e ITS (HARTMANN et al., 2015), visando a caracterização da diversidade e taxonomia bacteriana e fúngica do solo (GSCHWEND et al., 2020). Os resultados obtidos, através de análises

bioinformáticas, fornecem a classificação taxonômica e a distribuição de abundância e dos principais microrganismos presentes nessas amostras de solo.

1. OBJETIVOS

1.1 Objetivo Geral

Caracterizar a diversidade microbiana de diferentes tipos de solos agrícolas de estados brasileiros, identificando os microrganismos mais abundantes com potencial agronômico.

1.1.1 Objetivos específicos

1. Realizar o sequenciamento de *amplicon* das bibliotecas geradas nas regiões 16S rRNA e ITS, processar e analisar bioinformaticamente os dados de sequenciamento.
2. Avaliar a diversidade alfa das comunidades bacterianas e fúngicas em cada tipo de solo e estado, utilizando índices como Chao1, Shannon.
3. Identificar os gêneros e espécies microbianas mais abundantes e prevalentes em cada tipo de solo, destacando possíveis microrganismos com potencial agrícola.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Microbioma do solo

Apesar dos desafios inerentes à sobrevivência no ambiente do solo, um único grama de solo pode abrigar milhares de táxons microbianos diferentes, incluindo vírus e representantes de todos os três domínios da vida. Recentes avanços em análises de genes marcadores, genômica e metagenômica têm expandido significativamente nossa capacidade de caracterizar o microbioma do solo e identificar os fatores que moldam as comunidades microbianas ao longo do espaço e do tempo (FIERER, 2017).

Os microrganismos são essenciais para a formação e biogênese do solo, para a manutenção de sua estrutura e fertilidade, e para os processos de ciclagem biogeoquímica. Além disso, desempenham outras funções ecossistêmicas vitais para o crescimento vegetal e a biorremediação. Compreender os fatores que determinam o crescimento, a atividade e a diversidade das comunidades microbianas do solo, seu controle pelas características físico-químicas do solo e suas interações com outros habitantes edáficos é, portanto, crucial para o manejo sustentável da função do ecossistema do solo e a previsão do impacto das mudanças ambientais (PETR et al., 2011).

Conforme destacado por Wang et al. (2024), microrganismos, que abrangem uma vasta gama de formas nos domínios bacteriano, arqueano e eucariótico, permeiam todos os ecossistemas da Terra com diversidade e abundância inigualáveis. Seus papéis multifacetados são de primordial relevância para nossos esforços em ciclar elementos geoquímicos, explorar as mudanças climáticas globais, elucidar mecanismos da vida natural, sustentar serviços ecológicos, reduzir as emissões de gases de efeito estufa e, conseqüentemente, melhorar a saúde do solo e a produtividade das culturas (WANG et al., 2024).

Particularmente em campos agrícolas, os microrganismos do solo desempenham um papel fundamental na promoção do equilíbrio do ecossistema, facilitando a ciclagem de nutrientes e impulsionando o desenvolvimento das culturas (WANG et al., 2024).

2.2 Sequenciamento de *amplicon*

O *metabarconding* tem se consolidado como uma ferramenta biotecnológica robusta para a avaliação abrangente dos impactos de diversas práticas nas comunidades microbianas do solo. Essa abordagem permite o estudo detalhado da diversidade microbiana por meio da análise da composição genética de comunidades microbianas completas em ecossistemas (SUYAL et al., 2019).

O avanço das tecnologias de sequenciamento de nova geração, como o sequenciamento de amplicon das regiões 16S rRNA e ITS, possibilitou um perfilamento rápido e minucioso de comunidades bacterianas e fúngicas, respectivamente (SAHARAN et al., 2023). A técnica metagenômica é amplamente aceita para investigar como fatores ambientais, incluindo a fertilização química e o manejo orgânico do solo, afetam essas comunidades microbianas (SAHARAN et al., 2023).

Entretanto, o impacto adverso das mudanças climáticas e o uso crescente de pesticidas podem perturbar severamente as comunidades microbianas, levando à redução da biodiversidade, à diminuição do rendimento das colheitas e ao enfraquecimento da saúde do solo. É amplamente reconhecido que as mudanças climáticas podem alterar os níveis de temperatura e umidade do solo (YADAV et al., 2021), impactando diretamente a atividade e a diversidade microbiana (COMPANT et al., 2010). Paralelamente, o uso excessivo de pesticidas pode resultar na degradação do solo e na perda de microrganismos benéficos (SAHARAN et al., 2023).

O sequenciamento de *amplicon* é uma técnica amplamente utilizada em estudos de microbiomas para analisar a composição taxonômica de comunidades microbianas e investigar mudanças nessa composição (ARIKAN e MUTH, 2023). De acordo com Wolfe et al. (2023), o uso de sequenciamento de última geração em laboratórios de pesquisa oferece resultados importantes sobre o papel da ecologia microbiana para a saúde ambiental e humana. O sequenciamento baseado em *amplicon* dos genes 16S rRNA e ITS é uma das abordagens mais comuns para

estudar a riqueza e a composição de procariontes e eucariontes do solo (FOUHY et al., 2016).

Para detectar de forma confiável diferentes linhagens taxonômicas de microrganismos em uma única amostra de solo, é essencial um *pipeline* adequado. Este inclui o isolamento de DNA, seleção de *primers*, amplificação por PCR, preparação de bibliotecas, sequenciamento de DNA e processamento bioinformático pós-sequenciamento (ZHAO et al., 2023).

As vantagens do sequenciamento de amplicon são diversas. Sua aplicabilidade em amostras com baixa biomassa ou baixa qualidade é notável, pois essas amostras podem ser amplificadas com sucesso por *primers* degenerados e PCR, facilitando o sequenciamento de uma ou mais regiões dos genes 16S rRNA e ITS. Isso permite o sequenciamento de populações diversas sem seleção prévia de microrganismo de interesse (FOUHY et al., 2016). Outra vantagem significativa é a disponibilidade de inúmeros bancos de dados de referência e ferramentas de análise para a curadoria dos dados pós-sequenciamento (ARIKAN e MUTH, 2023).

No entanto, a técnica possui desvantagens, como a introdução de vieses e a limitação na obtenção de informações sobre as propriedades funcionais da comunidade microbiana. Além disso, apresenta uma resolução taxonômica limitada, geralmente atingindo apenas o nível de gênero (MEEK et al., 2019). Embora existam esforços bioinformáticos para prever o potencial funcional, o sequenciamento de amplicon por si só não fornece essa informação diretamente (DE WOLFE et al., 2023).

Apesar das limitações, o sequenciamento de *amplicon* continua sendo uma abordagem preferencial para muitos grupos de pesquisa, especialmente aqueles com orçamentos limitados, devido à sua relação custo-benefício e escalabilidade (MEEK et al., 2019).

2.3 Aplicações Biotecnológicas

O manejo do solo é um fator crucial para a efetividade da biorremediação de agrotóxicos, sendo o metabolismo microbiano uma ferramenta financeiramente acessível e de fácil execução (LOPES et al., 2022). Além da ação microbiana isolada, a interação com as plantas em agrossistemas é fundamental, visto que a maior atividade de degradação de moléculas contaminantes ocorre na rizosfera (WANG et al., 2021). Desse modo, a bioprospecção desses organismos em solos agrícolas torna-se importante para aumentar a eficiência desse tratamento (LIMA et al., 2022).

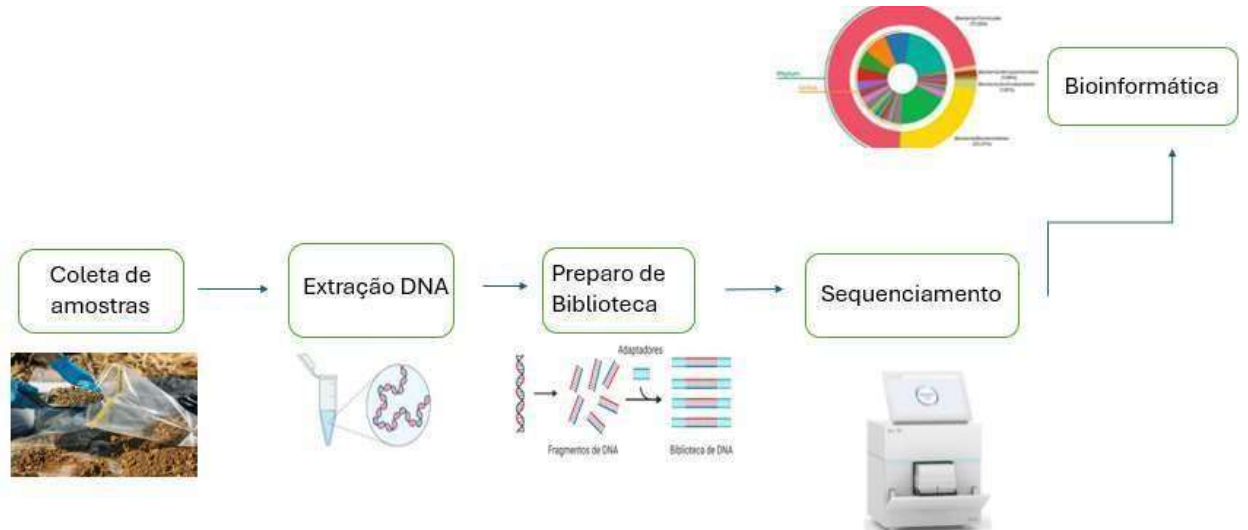
Os microrganismos presentes na rizosfera são responsáveis pela produção de mais de 80% do nitrogênio e 75% do fósforo captado pelas árvores em florestas de clima temperado e boreal (BALDRIAN, 2017). Dentre os organismos presentes no solo, predominam os actinomicetos. Essas bactérias gram-positivas, com organização filamentosa e constituídas por micélios, são consideradas uma vasta fonte de metabólitos secundários de interesse biotecnológico, sendo responsáveis pela produção de mais de 50% dos antibióticos conhecidos até hoje (FERREIRA, 2016; KUMAR & JADEJA, 2016).

Os actinomicetos são empregados em diversos setores, incluindo a agricultura, a indústria farmacêutica e a biorremediação (OLIVEIRA, 2003). Na agricultura, podem influenciar o crescimento de plantas e proteger suas raízes da invasão de fungos patogênicos, o que os torna promissores para o controle biológico de doenças em plantações. Além disso, os actinomicetos atuam como um grupo antagonista de fungos e microrganismos colonizadores de raízes, e podem desempenhar funções na colonização e formação de micorrizas (OLIVEIRA, 2003).

3. METODOLOGIA

A metodologia utilizada neste trabalho é apresentada de forma geral no fluxograma da figura 1:

Figura 1-Fluxograma geral das etapas do estudo



Fonte: Autoria própria (2025)

3.1 Coleta de amostras de solo e extração de DNA

As amostras de solos (10 cm de profundidade) foram coletadas no período de 2023 a 2024, com auxílio de um trado. Elas foram acondicionadas em sacos plásticos estéreis e homogeneizadas e, depois, colocadas em tubos falcons estéreis e depois transportadas a 4°C para o Laboratório de Metagenômica da Agrinor Bio inovação que fica localizada em Araçariçuama no estado de São Paulo e depois armazenadas a -20°C.

O DNA foi extraído de 250 mg das amostras de solo de 5 diferentes estados do Brasil, sendo estes: Alagoas, Rio Grande do Norte, Paraná, Pará e Mato Grosso, e após a extração de DNA as amostras foram incluídas no banco de dados da empresa Agrinor Bio inovação, com licença autorizada (Tabela 1) usando o PowerSoil® DNA Isolation Kit (Qiagen), de acordo com o protocolo do fabricante. A quantidade e a qualidade do DNA foi avaliada usando o fluorômetro Qubit (Thermo Fisher Scientific, Estados Unidos) usando o kit Qubit dsDNA High Sensitivity assay (Thermo Fisher Scientific, Estados Unidos). Na figura 2, é possível verificar o fluxograma da metodologia da extração e quantificação de DNA das amostras de solo.

Tabela 1-Amostras de solo

Nome amostra	Estado	Tipo de solo	Tipo de cultura
8_NGS	AL	Argissolo	Milho
14_NGS	MT	Latossolo	Milho
24_NGS	PR	Latossolo	Pitaya
23_NGS	PR	Latossolo	Milho e soja
29_NGS	PR	Latossolo	Kiwi
32_NGS	PR	Argissolo	Cana de açúcar
33_NGS	AL	Argissolo	Cana de açúcar
37_NGS	PA	Franco-arenoso	Reflorestamento
38_NGS	PR	Latossolo	Soja
39_NGS	PR	Latossolo	Soja
40_NGS	PR	Latossolo	Soja
41_NGS	PR	Latossolo	Soja
44_NGS	RN	Aerenoso	Melão
45_NGS	RN	Aerenoso	Melão
46_NGS	RN	Aerenoso	Melão
47_NGS	RN	Aerenoso	Melão
48_NGS	RN	Aerenoso	Melão
49_NGS	RN	Aerenoso	Melão
50_NGS	RN	Aerenoso	Melão

51_NGS

RN

Aerenoso

Melão

Fonte: Banco de dados Agrinor

3.2 Amplificação por PCR do gene 16S rRNA e região ITS

Para amplificar a região variável V3–V4 do gene 16S rRNA foi utilizado um par de primers descrito na tabela 2. As sequências usadas no protocolo para ITS têm como alvo a região ITS1 fúngica entre os genes de rRNA 18S e 5.8S. Elas incluem os *primers* ITS1-F e ITS2 de BELLEMAIN et al (2010).

As sequências de *primers* para as região ITS1 e 16S estão listadas na Tabela 2.

Tabela 2-Sequências de primers para as regiões ITS1 fúngica e 16S rRNA bacteriana.

Marcador molecular	sequência <i>Forward</i>	sequência <i>reverse</i>
ITS	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA	GCTGCGTTCTTCATCGATGC
ITS	CTCGGTCATTTAGAGGAAGTAA	GCTGCGTTCTTCATCGATGG
ITS	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA	GCTACGTTCTTCATCGATGC
ITS	CCCGGTCATTTAGAGGAAGTAA	GCTGCGTTCTTCATCGATGT
ITS	CTAGGCTATTTAGAGGAAGTAA	ACTGTGTTCTTCATCGATGT
ITS	CTTAGTTATTTAGAGGAAGTAA	GCTGCGTTCTTCATCGTTGC
ITS	CTACGTCATTTAGAGGAAGTAA	GCGTTCTTCATCGATGC
ITS	CTTGGTCATTTAGAGGTCGTAA	-
16S rRNA	TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGA CAGCCTACGGGNGGCWGCAG	GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAA GAGACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC

Fonte:Bellemain(2010).

As condições de PCR usadas para amplificação foram: desnaturação inicial de 95 °C por 5 min; por 35 ciclos de desnaturação a 95 °C por 30 s, anelamento do primer a 53 °C por 30 s e extensão a 72 °C por 40 s; e uma extensão final a 72 °C por 2 min .As mesmas condições de PCR foram utilizadas para os dois protocolos de sequenciamentos. Os produtos de PCR resultantes foram verificados em gel de agarose a 1%.

3.3 Construção da biblioteca e sequenciamento

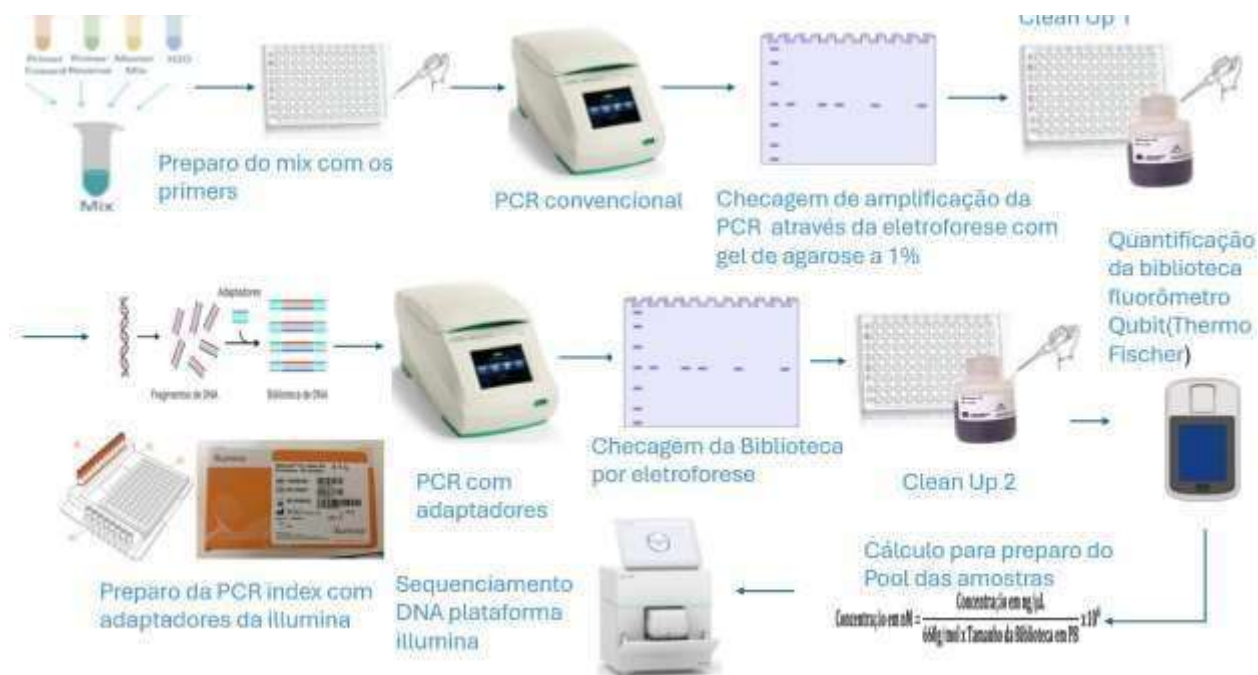
Para a construção da biblioteca de sequenciamento de DNA, foram usados os protocolos Illumina 16S *Metagenomic Sequencing Library Preparation*® e *Fungal Metagenomic Sequencing Demonstrated Protocol*®. As bibliotecas foram sequenciadas usando a tecnologia Illumina Iseq 2 × 150-bp. Cada amostra da biblioteca foi executada em *paired-end*.

3.3.1 Preparo da biblioteca 2 × 150 Iseq

As bibliotecas de *amplicons* do gene 16S rRNA bacteriano e do ITS fúngico foram preparadas usando o kit Nextera NT Index (Illumina, San Diego, CA, Estados Unidos) conforme o Protocolo de Preparação de Bibliotecas de Metagenômica 16S. Os amplicons passados pelo QC com o adaptador Illumina foram amplificados usando primers i5 e i7 que adicionaram sequências de índice de multiplexação, bem como adaptadores comuns para geração de cluster conforme o protocolo Illumina padrão. As bibliotecas de *amplicons* foram purificadas por esferas AMPure XP(Beckman Coulter, Brea, CA, Estados Unidos) e quantificadas pelo Fluorômetro Qubit (Thermo Fisher Scientific)

A figura 2 demonstra um fluxograma referente a etapa do preparo da biblioteca e sequenciamento:

Figura 2-Fluxograma do preparo da biblioteca e sequenciamento



Fonte:Autoria própria(2025)

3.4 Análise Bioinformática

A análise inicial das amostras foi realizada utilizando os aplicativos da plataforma BaseSpace Illumina. O aplicativo 16S Metagenomics foi empregado para as amostras de 16S rRNA, enquanto o aplicativo DRAGEN foi utilizado para as amostras ITS, permitindo a classificação taxonômica preliminar.

Após essa análise inicial, as amostras foram baixadas via software *Install Downloader*, e os arquivos FASTQ baixados foram transferidos para a empresa Computomics para as próximas etapas de análise bioinformática.

Os adaptadores de sequenciamento foram removidos das leituras brutas do *amplicon* utilizando o software Trimmomatic (BOLGER et al., 2014). Em seguida, as leituras foram submetidas a um processo de *trimming* de qualidade com o mesmo software, visando a filtrar ou a truncar sequências com potencial para erros antes da análise aprofundada. Depois desta etapa, as leituras foram submetidas à montagem *paired-end* (MASELLA et al., 2012).

As leituras *paired-end* foram processadas utilizando o QIIME2 versão 2020.11 (CAPORASO et al., 2010). O *plugin* DADA2, com configurações padrão, foi empregado para diversas etapas, incluindo filtragem de qualidade, remoção de ruídos, junção das leituras *paired-end*, remoção de quimeras, derreplicação e geração de variantes de sequência de *amplicons* (ASVs; CALLAHAN et al., 2016). Os *primers* foram removidos por amostra, e as sequências resultantes foram taxonomicamente classificadas contra o banco de dados SILVA 138.1 (QUAST et al., 2013), utilizando o classificador *scikit-learn* (PEDREGOSA et al., 2011) incorporado no QIIME2, para uma classificação taxonômica mais detalhada.

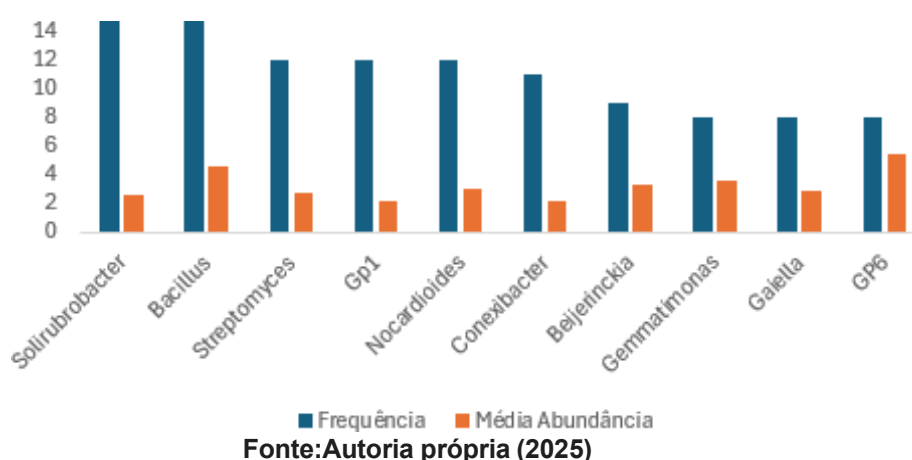
A diversidade alfa (quantificada pelo número de ASVs) foi calculada após a normalização das sequências para uma profundidade de 12.000 leituras por amostra.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Classificação e Identificação taxonômica

Os gêneros bacterianos mais abundantes das amostras foram: *Solirubrobacter* (2,66%), *Bacillus* (4,66%), *Streptomyces* (2,75%), *GP1* (2,25%), *Nocardioides* (3,01%), *Conexibacter* (2,25%), *Bejerinckia* (3,25%), *Gemmatimonas* (3,66%), *Gaiella* (2,92%) e *GP6* (5,5%) (Figura 3).

Figura 3-gêneros mais frequentes de Bactérias e suas abundâncias médias



O gênero *Solirubrobacter*, pertencente ao filo Actinobacteria, destacou-se como o mais prevalente. Vale ressaltar que algumas espécies desse gênero podem estar associadas à solubilização de potássio (SEMENOV et al., 2012). De acordo com Janssen (2006), membros do filo Actinobacteria constituem, em média, 13% (com um intervalo de 0 a 34%) das comunidades bacterianas do solo em geral.

Embora *Solirubrobacter* tenha sido o gênero mais frequente, *Bacillus* sobressaiu como o gênero com a maior abundância média entre as amostras, alcançando 4,66%. Este gênero, por sua vez, pertence ao filo Firmicutes.

Firmicutes e Actinobacteria são filos comumente associados a solos ricos em matéria orgânica. O aumento de seus níveis em amostras de solos orgânicos pode indicar a presença de mais material orgânico em decomposição, o que, conseqüentemente, contribui para a fertilidade do solo (MISHRA et al., 2024).

Outros estudos também relataram um grupo taxonomicamente diverso de microrganismos decompositores do solo que estão relacionados aos filos *Firmicutes*, *Actinobacteria*, *Proteobacteria* e *Bacteroidetes* (BERNARD et al., 2007;ZHAN et al., 2018; ESPAÑA et al., 2011; SEMENOV et al., 2012; ZHAN et al., 2018;).

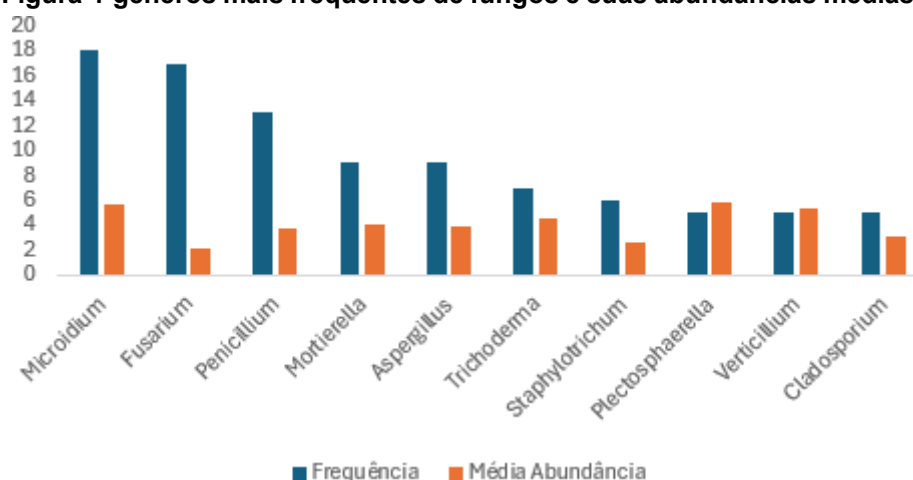
O terceiro gênero mais abundante foi *Streptomyces*, que é o maior gênero do filo Actinobacteria em termos de número de espécies descritas e reconhecidas. As espécies de *Streptomyces* são bactérias Gram-positivas aeróbias mais conhecidas industrialmente como produtoras de antibióticos naturais, mas também são reconhecidas por sua capacidade de utilizar biomassa celulósica. Essas bactérias do solo são capazes de se diferenciar, produzir micélios aéreos e uma ampla variedade de metabólitos secundários (MELO et al., 2017).

Este gênero também possui diversas espécies que desempenham papel importante na assimilação de carboidratos complexos em solos (ZHAN et al., 2018). Embora um grande número de espécies de *Streptomyces* possa utilizar biomassa vegetal, a compreensão dos genes-chave que codificam enzimas hidrolíticas envolvidas na degradação da biomassa por *Streptomyces* é atualmente limitada a alguns isolados do solo (MELO et al., 2017).

Os 10 principais gêneros de fungos mais frequentes, distribuídos pela média da abundância foram:

Microidium (5,63%),*Fusarium* (2,19%),*Penicillum* (3,75%), *Aspergillus*(3,93%),
Trichoderma(4,5%),*Staphylothicum*(2,66%),*Plectosphaerella*(5,84%),*Verticillium*(5,4%)
,*Cladosporium* (3,12%).

Figura 4-gêneros mais frequentes de fungos e suas abundâncias médias



Fonte: Autoria própria (2025)

A análise dos dez principais gêneros de fungos mais abundantes (Figura 4) revelou a predominância do gênero *Microididium* (5,63%). Este gênero está associado a fungos parasitas de plantas, causando a doença conhecida como oídio (YU. et al., 2022). O oídio é uma doença importante e amplamente distribuída globalmente, capaz de parasitar mais de 10.000 espécies de plantas (MARMOLEJO et al., 2018).

A doença caracteriza-se pela presença de uma massa pulverulenta de cor branca, na forma de manchas isoladas, comumente cobrindo toda a superfície do órgão vegetal atacado, folhas, ramos novos, gemas e frutos (CARDOSO et al., 2012). De acordo com Pinto et al. (2014) essa massa branca, no formato de manchas isoladas ou que cobre totalmente a superfície do órgão afetado, é formada por estruturas do patógeno, constituindo-se assim, num sinal da doença. O ataque severo pode causar retorcimento, queda de folhas, morte de ramos novos, queda de flores e frutos, subdesenvolvimento e deformação de frutos jovens.

O oídio pode causar perdas significativas quando não controlado prontamente. A ocorrência e o progresso das doenças em populações de plantas são fatores condicionantes para a estimativa de danos e conseqüentemente estratégias de controle que permitam o uso racional dos meios disponíveis (PINTO et al., 2014).

O segundo gênero com maior predominância foi *Fusarium* (2,19%). O gênero *Fusarium* é amplamente reconhecido na literatura científica por sua notável abundância e ubiquidade em diversos ecossistemas de solo, configurando-se como um dos grupos fúngicos mais prevalentes em estudos de comunidades microbianas

(SINGH et al., 2011; EDWARDS et al., 2015). Essa ampla distribuição reflete sua versatilidade ecológica, adaptando-se a uma vasta gama de condições edáficas e climáticas. Embora algumas espécies de *Fusarium* sejam notórias por seu papel como patógenos de plantas, causando doenças significativas em culturas agrícolas, a presença do gênero no solo transcende a fitopatologia, englobando também espécies saprófitas e endofíticas que interagem de múltiplas formas com a matéria orgânica e os ciclos biogeoquímicos (SINGH,2015).

A identificação de *Fusarium* como um componente frequente do microbioma do solo, conforme evidenciado por estudos como o de Saharan et al. (2023), sublinha sua importância na dinâmica microbiana e a necessidade de compreender as interações complexas que ele estabelece dentro desse ambiente.

Outro gênero abundante nas amostras e com maior média de abundância entre os gêneros foi *Plectosphaerella*. Algumas de suas espécies são encontradas no solo como saprófitas, desempenhando um papel na decomposição de matéria orgânica, enquanto outras são conhecidas por serem patógenos de plantas. A ecologia e o papel do gênero *Plectosphaerella* são complexos e podem variar consideravelmente (CARLUCCI et al., 2012).

O gênero *Trichoderma* demonstrou uma frequência considerável nas amostras de solo analisadas, posicionando-se entre os dez gêneros fúngicos mais abundantes, com 4,5% de abundância relativa. Essa expressiva presença é corroborada por sua relevância ecológica e biotecnológica.

Segundo Mau et al. (2023), o fungo *Trichoderma* sp. é reconhecido como um agente de controle biológico eficaz contra diversas doenças de plantas. Ele se caracteriza por sua alta atividade na rizosfera, no solo e no dossel vegetal, e pela capacidade de atuar como micoparasita de outros fungos (MAU et al., 2023). A produção de diversos tipos de proteínas e compostos extracelulares com propriedades tóxicas e fungistáticas para patógenos fúngicos, além do estímulo ao crescimento vegetal, tem conferido a este gênero grande atenção como agente de controle biológico (PUYAM, 2016). A capacidade do *Trichoderma* de suprimir o desenvolvimento de patógenos e doenças é mediada por vários mecanismos, incluindo competição, micoparasitismo e antibiose(KHALILI et al., 2018).

Adicionalmente, este fungo é capaz de induzir a resistência da planta hospedeira (LEVY et al., 2015) e promover seu crescimento (HASSAN et al., 2017).

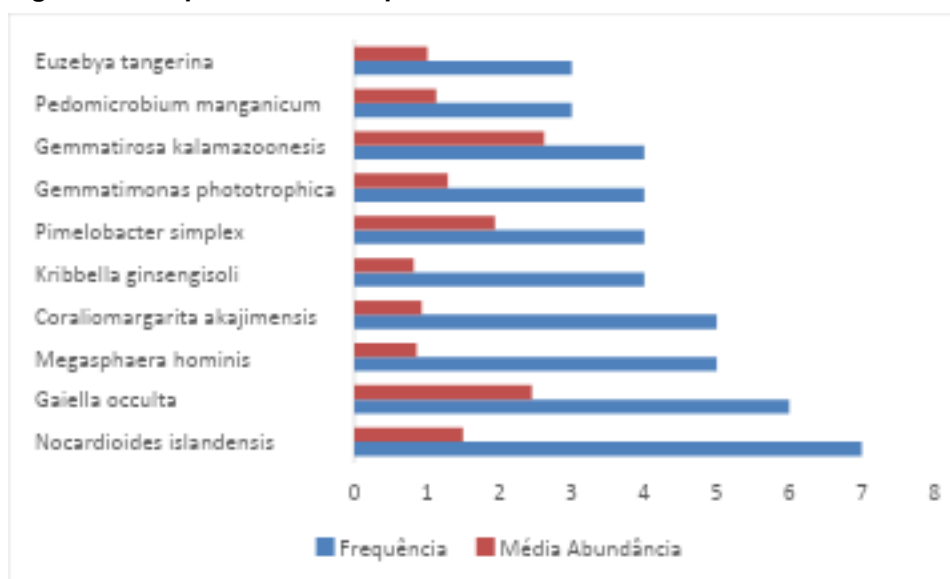
A indução da resistência pode ser atribuída à produção de metabólitos secundários como fenol, saponina e tanino (YANTI et al., 2018), enquanto a promoção do crescimento vegetal pode ser mediada pela síntese de hormônios de crescimento, entre outros compostos (ALISON & ROBERT, 2014).

Em complemento à relevância dos fungos no solo, como o gênero *Trichoderma* discutido anteriormente, a análise das amostras também revelou a presença significativa de gêneros bacterianos com papéis ecológicos cruciais.

Entre as espécies bacterianas mais frequentes, destacou-se *Nocardioides islandensis* (Figura 5). Conforme Lee et al. (2022), diversas linhagens de *Nocardioides* são reconhecidas por sua capacidade de atuar na biorremediação e desintoxicação de uma ampla gama de poluentes, incluindo alcanos, fenois, compostos orgânicos heterocíclicos, hidrocarbonetos aromáticos e organoclorados, bem como alcaloides. Adicionalmente, há evidências crescentes de que cepas de *Nocardioides* podem oxidar compostos inorgânicos e monóxido de carbono, o que expande suas aplicações biotecnológicas (KING et al., 2007).

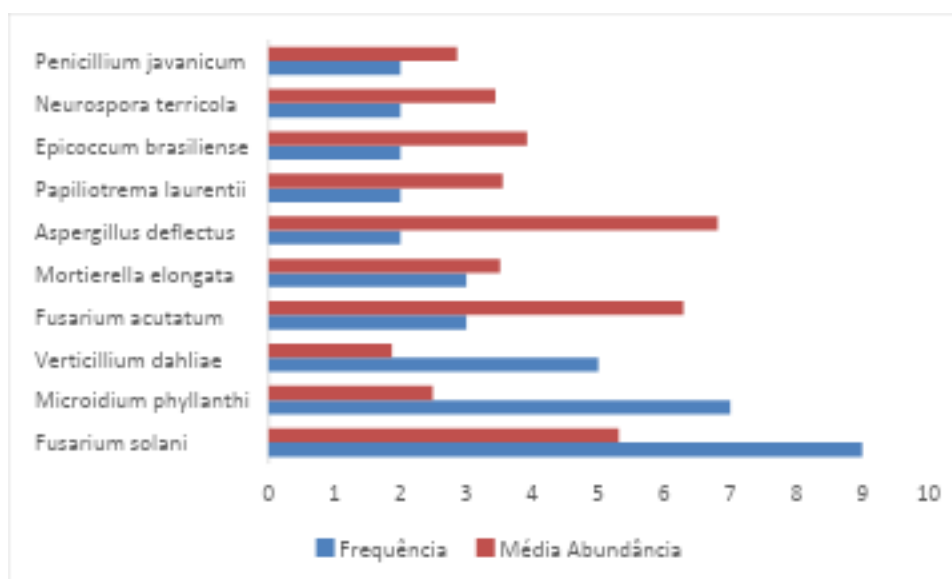
No que tange à abundância média, a espécie *Gemmatirosa kalamazoonensis* (Figura 5) foi a mais proeminente entre as amostras. Esta bactéria é reconhecida por seu potencial de degradação de hidrocarbonetos aromáticos policíclicos (ZHAO et al., 2023), reforçando a importância da comunidade bacteriana na manutenção da saúde e resiliência do solo.

Figura 5-10 espécies mais frequentes de bactérias e suas abundâncias médias



Fonte: Autoria própria(2025)

Figura 6-10 espécies mais frequentes de fungos e suas abundâncias médias



Fonte: Autoria própria (2025)

Dando sequência à análise da composição fúngica, o gênero *Fusarium* emergiu como o gênero mais proeminente em abundância média nas amostras, atingindo 5,31% de ocorrência. Essa constatação é relevante, uma vez que diversas espécies de *Fusarium*, como *Fusarium solani* (Figura 6), são conhecidas por seu papel como patógenos vegetais, a exemplo da podridão radicular em soja (*Glycine max*), conforme reportado por LARSON & CRANDALL (2023). Estudos têm demonstrado que *Fusarium* spp. podem impactar significativamente o microbioma do solo. Pesquisas que empregaram a fumigação para erradicar *Fusarium* spp. indicaram que os microbiomas edáficos foram capazes de reconstruir a resistência contra esse patógeno após o tratamento. Tal achado sugere que infecções iniciais por *Fusarium* spp. podem suprimir o desenvolvimento da resistência em hospedeiros (ZHANG et al., 2021). No entanto, há uma lacuna na literatura quanto à quantificação da colonização do solo por patógenos como *F. solani* e sua influência na recuperação do microbioma após eventos de desinfestação *in vivo*.

Paralelamente, a espécie *Aspergillus deflectus* (Figura 8) apresentou a maior média de abundância geral entre os fungos, com 6,81%. Embora *Aspergillus deflectus* seja amplamente reconhecido pela produção de compostos antimicrobianos, como as deflectinas, ele também possui o potencial de causar doenças em plantas, especialmente sob condições ambientais que favorecem seu crescimento (ZAKARIA, 2024). A identificação e o manejo de doenças causadas por espécies de *Aspergillus*

são, portanto, cruciais para a manutenção da saúde e produtividade das culturas (ZAKARIA, 2024).

A relevância desses gêneros e espécies ressalta a complexidade do microbioma do solo, que desempenha um papel fundamental na função do solo e na sustentabilidade do ecossistema. Investigar a resposta das comunidades fúngicas do solo em sistemas de cultivo é, portanto, essencial para aprofundar nossa compreensão sobre esses ecossistemas.

4.2 Análise de Diversidade

A investigação da composição taxonômica individual das amostras, conforme detalhado na seção anterior, é complementada pela análise de diversidade alfa, uma métrica fundamental para caracterizar a complexidade de uma comunidade microbiana dentro de uma amostra específica. A diversidade alfa engloba a riqueza de espécies (o número total de táxons presentes), a uniformidade (a equitabilidade de suas abundâncias), ou índices que combinam ambos os parâmetros (MISHRA et al., 2025).

Para estimar a diversidade alfa, diferentes índices são empregados, cada um com sua especificidade. O índice Chao1, por exemplo, é utilizado para inferir a riqueza de espécies, corrigindo a subamostragem e estimando o número de táxons raros que poderiam ter sido omitidos (CHAO, 1984). Já índices como Shannon, Simpson e Fisher fornecem uma medida mais abrangente da diversidade, considerando tanto o número de espécies quanto suas abundâncias relativas, o que reflete a diversidade real da comunidade (PIELOU, 1966; SHANNON, 1948; SIMPSON, 1949). Tais medidas são cruciais para compreender a estrutura e a saúde do ecossistema do solo. Os resultados da análise de diversidade alfa para as comunidades bacterianas e fúngicas nas amostras são apresentados no Quadro 1, demonstrando os valores de biodiversidade (Shannon) e riqueza (Chao1).

Tabela 3-Análise de Diversidade

Amostras	Estado	Cultivar	Bactérias (Biodiversidade Shannon)	Bactérias (Riqueza Chao 1)	Fungos (Biodiversidade Shannon)	Fungos (Riqueza Chao 1)
8_NGS	AL	Milho	5,61	387	4,69	348
14_NGS	MT	Milho	6,71	1213	4,81	342
23_NGS	PR	Pitaya	5,71	403	5,1	311
24_NGS	PR	Milho e soja	5,24	281	5,04	347
29_NGS	PR	Kiwi	6,26	688	3,4	546
32_NGS	PR	Cana de açúcar	5,36	318	4,64	411
33_NGS	AL	Cana de açúcar	6,77	1189	5,63	401
37_NGS	PA	Reflorestamento	6,62	1056	5,29	373
38_NGS	PR	Soja	6,23	695	5,54	489
39_NGS	PR	Soja	6,46	856	4,89	445
40_NGS	PR	Soja	5,76	446	5,57	468

41_NGS	PR	Soja	6,74	1157	5,04	468
44_NGS	RN	Melão	5,17	276	5,03	247
45_NGS	RN	Melão	4,96	204	4,91	303
46_NGS	RN	Melão	5,75	457	4,6	254
47_NGS	RN	Melão	5,82	506	4,66	217
48_NGS	RN	Melão	5,86	550	4,6	266
49_NGS	RN	Melão	5,56	389	5,22	346
50_NGS	RN	Melão	5,42	307	4,06	252
51_NGS	RN	Melão	5,16	240	4,98	278

Fonte:Autoria própria(2025)

A análise da diversidade alfa, utilizando os índices de Shannon para biodiversidade e Chao1 para riqueza, revelou padrões distintos nas comunidades bacterianas e fúngicas das amostras de solo, conforme detalhado no Quadro 1. De forma geral, os resultados indicam que as comunidades bacterianas (avaliadas via sequenciamento 16S rRNA) apresentaram, em média, maior riqueza e biodiversidade em comparação com as comunidades fúngicas (avaliadas via sequenciamento ITS).

Esta observação é consistente com a literatura, que frequentemente reportam uma maior diversidade bacteriana em ecossistemas edáficos, atribuída à sua maior adaptabilidade metabólica, taxas reprodutivas mais rápidas e capacidade de colonizar uma gama mais ampla de micro-nichos no solo (FIERER, 2017).

Destaca-se a amostra 14_NGS, que apresentou os maiores índices de riqueza (Chao1 = 1213) e biodiversidade (Shannon = 6,71) para bactérias. Isso sugere que o ambiente representado por esta amostra pode possuir condições edafoclimáticas particularmente favoráveis ao estabelecimento e coexistência de uma vasta gama de táxons bacterianos. Fatores como níveis adequados de matéria orgânica, pH balanceado, e regimes de umidade podem contribuir para um microbioma bacteriano mais robusto e diversificado (ZHOU et al., 2020).

Em contrapartida, a análise das comunidades fúngicas revelou um cenário particular na amostra 29_NGS. Embora esta amostra tenha exibido a maior riqueza fúngica (Chao1 = 546), ela simultaneamente apresentou o menor índice de biodiversidade (Shannon = 3,4). Esta combinação de alta riqueza e baixa diversidade indica uma baixa uniformidade, ou seja, que poucas espécies fúngicas são altamente abundantes e dominam a comunidade, enquanto a maioria das espécies ocorre em baixas abundâncias (MAGURRAN, 2004). Esse padrão pode ser um indicativo de

estresse ambiental, competição intensa, ou a presença de condições específicas que favorecem o crescimento descontrolado de um seletivo grupo de fungos, suprimindo o desenvolvimento de outros táxons e resultando em uma distribuição de abundância desigual (ROSLING & LARSSON, 2016).

É importante considerar que as diferenças observadas entre as comunidades bacterianas e fúngicas também podem ser influenciadas pela escolha dos marcadores genéticos (16S rRNA para bactérias e ITS para fungos). Embora ambos sejam amplamente utilizados para estudos de metagenômica, eles possuem características distintas em termos de conservação, variabilidade e resolução taxonômica, o que pode impactar a estimativa da diversidade. Estudos comparativos sugerem que as particularidades de cada região e seus primers podem levar a vieses na detecção e quantificação da diversidade de cada domínio (LIU et al., 2020).

Em suma, os resultados apresentados sublinham a complexidade do microbioma do solo e a importância de analisar tanto a riqueza quanto a biodiversidade para uma compreensão abrangente da estrutura da comunidade. A distinção entre as amostras em termos de diversidade bacteriana e fúngica aponta para a influência de fatores ambientais e de manejo que moldam essas comunidades, e a observação de dominância em certas amostras fúngicas merece investigação aprofundada para identificar os táxons dominantes e suas possíveis implicações ecológicas.

6 CONCLUSÃO

A presente pesquisa alcançou seu objetivo de caracterizar e comparar a diversidade microbiana em diferentes solos de estados brasileiros por meio do sequenciamento de *amplicon* das regiões 16S rRNA e ITS. Os resultados confirmaram a complexidade e riqueza do microbioma do solo brasileiro, revelando uma diversidade taxonômica significativa tanto para as comunidades bacterianas quanto para as fúngicas.

Verificou-se a predominância de filos bacterianos como Actinobacteria e Firmicutes, com gêneros como *Solirubrobacter* e *Bacillus* destacando-se pela abundância e potencial de atuação em processos biogeoquímicos, como a solubilização de potássio. A presença de espécies como *Nocardioides islandensis* e *Gemmatirosa kalamazoonesis* demonstra o elevado potencial dos solos estudados para processos de biorremediação, indicando a capacidade intrínseca dessas comunidades em degradar diversos poluentes. No domínio fúngico, gêneros como *Microidium* e *Fusarium* evidenciam a presença de patógenos importantes, enquanto a expressiva ocorrência de *Trichoderma* ressalta o potencial biocontrolador natural e a promoção do crescimento vegetal inerentes a essas comunidades. As análises de diversidade alfa complementam esses achados, quantificando a riqueza e a uniformidade das comunidades em cada amostra.

Em suma, este estudo oferece resultados coerentes sobre a biodiversidade microbiana em diferentes regiões do Brasil e seus potenciais funcionais. A compreensão aprofundada da estrutura e função dessas comunidades é fundamental para o desenvolvimento de estratégias mais eficazes de manejo sustentável do solo, visando à saúde do ecossistema e à produtividade agrícola, especialmente diante dos desafios impostos pelas mudanças climáticas e o uso de agrotóxicos.

Futuras pesquisas deverão aprofundar-se na caracterização funcional específica dos táxons identificados, utilizando abordagens como a metagenômica *shotgun* ou a metatranscriptômica, para desvendar os mecanismos moleculares subjacentes às funções biotecnológicas observadas. Além disso, a avaliação do impacto de práticas agrícolas específicas em longo prazo sobre essas comunidades microbianas é crucial para otimizar o manejo do solo e maximizar os benefícios dos microrganismos.

REFERÊNCIAS

- ALISON, B.; ROBERT, K. Plant growth promotion by Trichoderma. In: Trichoderma: biology and applications. London: Springer, 2014. p. 25-45.
- ARIKAN, M.; MUTH, T. The impact of host on the diversity of bacterial microbiota in the midgut of *Spodoptera littoralis*. *Journal of Basic Microbiology*, v. 63, n. 3, p. 257-268, 2023.
- BALDRIAN, P. Forest soil communities: molecular approaches. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, v. 1, p. 1-7, 2017.
- BECKERS, B. et al. Performance of 16s rDNA Primer Pairs in the Study of Rhizosphere and Endosphere Bacterial Microbiomes in Metabarcoding Studies. *Frontiers in Microbiology*, v. 7, n. 650, 2016.
- BELL, T.; TYLIANAKIS, J. M. Microbes in the Anthropocene: spillover of agriculturally selected bacteria and their impact on natural ecosystems. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 283, n. 20160896, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rspb.2016.0896>. Acesso em: 25 jul. 2024.
- BELLEMAIN, E. et al. ITS as an environmental DNA barcode for fungi: an in silico approach reveals potential PCR biases. *BMC Microbiology*, v. 10, n. 189, 2010.
- BERNARD, L. et al. Bacterial community structure in soil under different organic farming systems. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 39, n. 4, p. 841-849, 2007.
- CARDOSO, J. E. et al. Controle Químico do Oídio do Cajueiro. Fortaleza, 2012, 4 p. (Comunicado técnico 196).
- CARLUCCI, A. et al. *Plectosphaerella* species associated with root rot of tomato in southern Italy. *Journal of Plant Pathology*, v. 94, n. 2, p. 453-460, 2012.
- CHAO, A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of Statistics*, v. 11, n. 4, p. 265-271, 1984.
- COMPANT, S. et al. A review of the plant microbiota in its broad context. *Environmental Microbiology Reports*, v. 2, n. 5, p. 603-611, 2010.
- COSTA, Â. M. A. et al. Improved method for the extraction of high-quality DNA from lignocellulosic compost samples for metagenomic studies. *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 105, p. 8881-8893, 2021.
- DELMONT, T. O. et al. Reconstructing rare soil microbial genomes using in situ enrichments and metagenomics. *Frontiers in Microbiology*, v. 6, n. 358, p. 1-14, 2015. DOI: 10.3389/fmicb.2015.00358.
- DE WOLFE, K. J. et al. The soil microbiome in the context of climate change: a review. *FEMS Microbiology Ecology*, v. 99, n. 3, fiad019, 2023.

DORAN, J. W.; ZEISS, T. C. Soil quality and assessment. *Soil Science Society of America Journal*, v. 64, n. 6, p. 1827-1837, 2000.

EDWARDS, J. et al. Soil fungal communities in different land use systems. *Fungal Ecology*, v. 18, p. 1-10, 2015.

ESPAÑA, J. C. et al. Microbial community structure in soil under different land uses in the Andes. *Applied Soil Ecology*, v. 47, n. 3, p. 251-258, 2011.

FERREIRA, T. C. Prospecção de actinomicetos de solos de diferentes biomas brasileiros e avaliação do seu potencial para produção de metabólitos secundários com atividade antimicrobiana. 2016. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2016.

FIERER, N. Embracing the unknown: predicting microbial community assembly and function in soil. *mBio*, v. 8, n. 3, e00940-17, 2017.

FIERER, N. Microbial biogeography. In: *Encyclopedia of microbiology*. 4. ed. Oxford: Elsevier, 2024. p. 254-263.

FOUHY, S. et al. The effect of soil tillage and cropping system on bacterial community structure. *Applied Soil Ecology*, v. 101, p. 95-101, 2016.

GSCHWEND, F. et al. Periodic waterlogging consistently shapes agricultural soil microbiomes by promoting specific taxa. *Applied Soil Ecology*, v. 155, p. 103623, 2020.

GUDIÑA, E. J. et al. Biotech green approaches to unravel the potential of residues into valuable products. In: INAMUDDIN, M.; ASIRI, A. M. (Ed.). *Sustainable Green Chemical Processes and Their Allied Applications*. Cham, Switzerland: Springer, 2020. p. 97–150.

HASSAN, R. H. A. et al. *Trichoderma* spp. as plant growth promoters and their potential in improving plant resistance. *Annals of Agricultural Sciences*, v. 62, n. 2, p. 219-224, 2017.

JANSSEN, P. H. Identifying the dominant soil bacterial phyla by comparative analysis of rrs sequences. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 72, n. 11, p. 7531-7538, 2006.

JURBURG, S. D. et al. A perspectiva da ecologia comunitária dos dados ômicos. *Microbioma*, v. 10, n. 225, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s40168-022-01423-8>. Acesso em: 25 mai. 2025.

KHALILI, E. et al. Competition of *Trichoderma harzianum* with *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* in the rhizosphere of tomato. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, v. 51, n. 13-14, p. 744-754, 2018.

KING, G. M. et al. Physiological and molecular responses of *Nocardioide*s sp. strain

M3 to carbon monoxide. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 73, n. 13, p. 4349-4354, 2007.

KUMAR, S.; JADEJA, N. P. Actinomycetes: a potential source of bioactive compounds. *Journal of Pharmaceutical and Applied Chemistry*, v. 2, n. 2, p. 116-121, 2016.

LARSON, R. N.; CRANDALL, B. A. *Fusarium solani*: a review of its role in soybean root rot. *Phytopathology*, v. 113, n. 4, p. 756-765, 2023.

LEE, S. et al. *Nocardioide*s as a versatile genus for bioremediation and detoxification of various pollutants. *Journal of Hazardous Materials*, v. 436, 129069, 2022.

LEVY, M. et al. *Trichoderma* species as inducers of plant resistance against pathogens. *Frontiers in Plant Science*, v. 6, 735, 2015.

LIMA, E. W. D. Metabolismo microbiano de isolados de solos cultivados com cana-de-açúcar na presença de tebutiuron. 2020. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira, 2020.

LIMA, R. C. et al. Bioprospecting of microorganisms from agricultural soils for bioremediation of pesticides. *Brazilian Journal of Microbiology*, v. 53, p. 111-120, 2022.

LIU, D. et al. Comparação do sequenciamento dos genes 16S rRNA e ITS para análise de comunidades bacterianas e fúngicas em diferentes amostras ambientais. *Frontiers in Microbiology*, Lausanne, v. 11, p. 563583, 2020.

LOPES, G. F. C. et al. Soil management practices and microbial metabolism: a cost-effective tool for pesticide bioremediation. *Journal of Environmental Management*, v. 301, 113942, 2022.

LOPES, P. R. M. Green manure species for phytoremediation of soil with tebutiuron and vinasse. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, v. 8, article 613642, 2021.

LOREAU, M. et al. Biodiversity and ecosystem functioning: current knowledge and future challenges. *Science*, v. 294, n. 5543, p. 804-808, 2002.

MAGURRAN, A. E. *Medindo a diversidade biológica*. Oxford: Blackwell Publishing, 2004.

MARMOLEJO, J. et al. *Oidium*: an important disease of diverse plant species. *Revista Mexicana de Fitopatología*, v. 36, n. 2, p. 187-202, 2018.

MAU, T. H. et al. *Trichoderma* sp.: a multifaceted fungal agent for sustainable agriculture. *Journal of Fungi*, v. 9, n. 1, 102, 2023.

MEEK, D. W. et al. Amplicon sequencing in microbial ecology: current best practices and applications. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 85, n. 14, e00774-19, 2019.

MELO, V. F. et al. *Streptomyces* spp.: biotechnological potential in enzyme production

for biomass degradation. *Brazilian Journal of Microbiology*, v. 48, n. 4, p. 615-624, 2017.

MISHRA, S. et al. Targeted 16S rRNA gene and ITS2 amplicon sequencing of leaf and spike tissues of *Piper longum* identifies new candidates for bioprospecting of bioactive compounds. *Archives of Microbiology*, v. 203, p. 3851–3867, 2021. Disponível em: <https://doi-org.ez48.periodicos.capes.gov.br/10.1007/s00203-021-02356-w>. Acesso em: 25 mai. 2025.

MISHRA, S. K. et al. Alpha diversity metrics: a comprehensive guide to measuring microbial community complexity. *Environmental Microbiology Reports*, v. 17, n. 2, p. 187-200, 2025.

MISHRA, S. K. et al. Role of Firmicutes and Actinobacteria in organic matter decomposition and soil fertility. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, v. 24, n. 1, p. 111-125, 2024.

OLIVEIRA, D. C. Ocorrência de Actinomicetos de solos cultivados no estado de São Paulo e avaliação de seu potencial para o controle biológico de fitopatógenos. 2003. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2003.

PETR, G. et al. Soil microbial diversity: a key to ecosystem functioning. *Biodiversity and Conservation*, v. 20, n. 5, p. 1067-1081, 2011.

PIELOU, E. C. The measurement of diversity in different types of biological collections. *Journal of Theoretical Biology*, v. 13, n. 1, p. 131-144, 1966.

PINTO, O. R. de O.; FARIA, T. H. S.; REZENDE, P. Importância do oídio em plantas cultivadas: abordagem em frutíferas e olerícolas. *Enciclopédia Biosfera, Goiânia*, v. 10, n. 18, p. 2507-2516, maio de 2014. Disponível em: <https://www.conhecer.org.br/enciclop/2014a/AGRARIAS/importancia.pdf>. Acesso em: 25 maio 2025.

PROCÓPIO, L.; BARRETO, C. Os microbiomas do solo do Cerrado brasileiro. *J Soils Sediments*, v. 21, p. 2327–2342, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11368-021-02936-9>. Acesso em: 25 mai. 2025.

PUYAM, A. Biological control of plant diseases using *Trichoderma* species: a review. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, v. 5, n. 10, p. 482-491, 2016.

ROBINSON, S. L.; PIEL, J.; SUNAGAWA, S. A roadmap for metagenomic enzyme discovery. *Natural Product Reports*, v. 38, p. 1994–2023, 2021.

ROSLING, A.; LARSSON, E. Diversidade fúngica e ecologia no ambiente do solo. *Environmental Microbiology, Oxford*, v. 18, n. 1, p. 1-13, 2016.

ROUSK, J. et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil. *ISME Journal*, v. 3, n. 11, p. 1312-1321, 2009.

- SAHARAN, B. S. et al. Metagenomic insights into the impact of agricultural practices on soil microbial communities. *Journal of Environmental Management*, v. 325, pt. B, 116568, 2023.
- SEMENOV, M. V. et al. Diversity and functional potential of potassium-solubilizing bacteria in agricultural soils. *Journal of Basic Microbiology*, v. 52, n. 6, p. 556-565, 2012.
- SHANNON, C. E. A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, v. 27, n. 3, p. 379-423, 1948.
- SHEN, C. et al. Microbial community assembly and its resistance to *Fusarium* wilt in soil after fumigation. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 152, 108075, 2021.
- SIMPSON, E. H. Measurement of diversity. *Nature*, v. 163, n. 4148, p. 688, 1949.
- SINGH, M. et al. Diversity of *Fusarium* species in agricultural soils. *Mycological Research*, v. 115, n. 2, p. 159-166, 2011.
- SOUSA, J. et al. Abordagens metagenômicas como ferramenta para desvendar biocatalisadores promissores de recursos naturais: solo e água. *Catalysts*, v. 12, p. 385, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/catal12040385>. Acesso em: 25 mai. 2025.
- SUYAL, D. C. et al. Metagenomics: a powerful tool for analyzing microbial diversity in soil ecosystems. In: KUMAR, A.; CHEN, S. (eds.). *Metagenomics and its applications in agriculture*. Singapore: Springer, 2019. p. 1-18.
- TARNOWSKI, M. J. et al. O solo como catalisador de pesquisa transdisciplinar: da bioprospecção ao biorespeito. R., 2023.
- WANG, J. et al. Microorganisms in agricultural ecosystems: diversity, functions, and management. *Agronomy*, v. 14, n. 1, 102, 2024.
- WANG, Q. et al. Microrganismos do solo em campos agrícolas e vias de regulação agrônômica. *Agronomy*, v. 14, p. 669, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy14040669>. Acesso em: 25 mai. 2025.
- WANG, X. et al. Plant-microbial remediation of chlorpyrifos contaminated soil. *Journal of Environmental Science and Health, Part B*, v. 56, n. 10, p. 925-931, 2021.
- WOLFE, B. E. et al. The future of microbial ecology in the context of climate change: a call to action. *Nature Reviews Microbiology*, v. 21, n. 10, p. 687-696, 2023.
- YADAV, R. et al. Climate change impacts on soil microbial communities and their functions. *Journal of Applied Microbiology*, v. 131, n. 1, p. 11-23, 2021.
- YANTI, I. M. et al. Metabolite profiling of *Trichoderma harzianum* for induced resistance in plants. *Journal of Phytopathology*, v. 166, n. 9, p. 614-622, 2018.

YU, F. M. et al. *Microidium* spp. causing powdery mildew: a review on their host range and disease management. *Plant Disease*, v. 106, n. 3, p. 705-714, 2022.

ZAKARIA, M. The multifaceted roles of *Aspergillus deflectus* in plant health and disease. *Journal of Plant Pathology*, v. 106, n. 1, p. 1-10, 2024.

ZHAN, Y. et al. Microbial community shifts associated with lignocellulose degradation in agricultural soil. *Frontiers in Microbiology*, v. 9, 1275, 2018.

ZHANG, X. et al. Soil microbiome responses to *Fusarium* wilt disease and its implications for disease resistance. *Applied Soil Ecology*, v. 166, 103986, 2021.

ZHAO, P. et al. Genomic insights into the polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading potential of *Gemmatirosa kalamazoonensis*. *Frontiers in Microbiology*, v. 14, 1205391, 2023.

ZHAO, Y. et al. A comprehensive pipeline for amplicon sequencing analysis of microbial communities in soil. *Frontiers in Microbiology*, v. 14, 1146200, 2023.

ZHOU, J. et al. Comunidades fúngicas e bacterianas do solo respondem diferentemente a práticas de manejo agrícola. *Soil Biology and Biochemistry*, Oxford, v. 144, p. 107767, 2022.

