



Diversidade bacteriana usando o gene 16S rRNA ribossomal em solos do semiárido nordestino cultivado com palma forrageira⁽¹⁾

Maria do Carmo Catanho Pereira de Lyra⁽²⁾; Rodrigo Gouvêa Taketani⁽³⁾; José Geraldo Eugênio de França⁽⁴⁾, Adália Cavalcanti do Espírito Santo Mergulhão⁽⁵⁾, Maria Luiza Ribeiro Bastos da Silva⁽⁶⁾; Poliana Fernanda Giachetto⁽⁷⁾

⁽¹⁾ Trabalho executado com recursos do PNPd/FINEP/CAPES N° 02714/09-4.

⁽²⁾ Pesquisador (PhD), Instituto Agronômico de Pernambuco; Recife; Pernambuco; maria.catanho@ipa.br; ⁽³⁾ Bolsista Jovem Pesquisador FAPESP; EMBRAPA Meio Ambiente; Jaguariúna; São Paulo; rgtaketani@gmail.com; ⁽⁴⁾ Pesquisador (PhD), Instituto Agronômico de Pernambuco, Recife, Pernambuco; geraldoeugenio@ipa.br; ⁽⁵⁾ Pesquisador (Dr.), Instituto Agronômico de Pernambuco; Recife; Pernambuco; adalia.mergulhao@ipa.br; ⁽⁶⁾ Bolsista DCR/FACEPE, Instituto Agronômico de Pernambuco, Recife, Pernambuco; maria.luiza@ipa.br; ⁽⁷⁾ Pesquisador (Dr.), EMBRAPA Informática Agropecuária, Campinas, São Paulo, poliana.giachetto@embrapa.br.

RESUMO: A diferença na temperatura e na distribuição de chuvas nas mesorregiões do semiárido pernambucano e a importância da cultura da palma forrageira para a pecuária foram os principais fatores que levaram a estudar as comunidades microbianas que interagem nestes ambientes. O conhecimento da filogenia e diversidade destas bactérias pode ajudar a melhorar o manejo do solo nesta região tão peculiar e única no mundo. Foi realizado um pirossequenciamento do gene 16S rRNA ribossomal para gerar sequências de dados. As diferentes mesorregiões nos diferentes bancos ativos de germoplasmas (BAGs) mostraram-se diferentes quanto à estrutura e diversidade bacteriana onde foram realizadas análises de agrupamento e estudos dos índices de diversidade. Taxas específicas como proteobactéria na região Agreste e actinobactéria no Sertão mostraram que existem diferenças quanto aos fatores bióticos e abióticos bem como no manejo realizado nestes ambientes. Os resultados sugerem que o uso da pirossequência em relação às análises tradicionais atreladas às propriedades físico-químicas do solo podem ajudar no conhecimento de novos grupos taxonômicos nas comunidades microbianas.

Termos de indexação: Caatinga, Proteobactéria, Actinobactéria.

INTRODUÇÃO

A região da Caatinga nordestina é única no mundo e seus contrastes são devidos à escassez de água e diferenças nos solos. De acordo com Trovão et al. (2007), 12% do território deste bioma encontra-se no Nordeste Brasileiro e a distribuição de chuvas concentra-se em 3 a 4 meses ao ano, onde ocorre apenas duas estações a seca e a chuvosa. Esta falta de chuva aliada às altas temperaturas, alta exposição ultravioleta e um uso inadequado da Caatinga pode levar a desertificação (Kavamura et al., 2013; Silva et al., 2004). O solo é

o maior ambiente de comunidades procarióticas e isto o faz um ecossistema de extrema importância visto que, a relação entre a riqueza de espécies pode estar influenciada pela cobertura a qual está sendo estudada. A dificuldade de estudar as comunidades microbianas através de cultivo tradicional principalmente a fração significativa como *Bacteria* e *Archaea*, faz com que o uso das novas tecnologias baseada em sequenciamento massal do gene 16S rRNA ribossomal seja aplicado com sucesso e ocasionando mudanças na conceituação básica da ecologia molecular e especialmente nas análises de diversidade microbiana (Klindworth et al., 2012). A interação entre planta, solo e seus habitantes microbianos formam o que chamamos de rizosfera ambiental (Bais et al., 2006). De acordo com (Bardgett 2005; Horner-Devine et al., 2004) as plantas são essenciais para a estrutura e função microbiana no solo. Taketani et al. (2014), estudando a congruência funcional da comunidade microbiana na rizosfera associada a leguminosas arbóreas na região semiárida do Brasil, observaram que a comunidade microbiana dos solos rizosféricos na caatinga podem ter selecionado organismos no solos que mostram o mesmo papel funcional para lidar com o estresse apesar de sua atribuição filogenética. Estudo realizado com as comunidades microbianas da rizosfera de *Cereus jamaçaru* (Mandacaru) no bioma Caatinga, comparando as estações seca e chuvosa mostra de forma clara que existem diferenças entre as comunidades microbianas nos dois períodos estudados e que durante a estação chuvosa, ocorreu uma maior proporção de bactérias gram-negativas, especialmente representadas por bacteroidetes e algumas classes de Proteobactéria, enquanto que na estação seca, uma alta proporção de bactérias gram-positivas foram representadas pelo phylum Actinobactéria e o gênero *Bacillus*. (Kavamura et al., 2013). O mau uso do solo devido às práticas de manejo pode causar efeitos diretos na comunidade microbiana influenciando assim na função do solo (Shange et al., 2012). Os impactos causados nestes



ecossistemas podem afetar de forma preocupante diversos fatores como: Reciclagem de compostos orgânicos, dinâmica de nutrientes no solo (Fu et al., 2000; Parfitt et al., 2003; Houghton & Goodale, 2004), e a biodiversidade (Dupouey et al., 2002; Honnay et al., 2003). A sensibilidade das comunidades microbianas a estes efeitos pode ser um bom indicativo para a mudança da qualidade do solo em vários ecossistemas, principalmente ecossistemas como o semiárido brasileiro. Para um bom entendimento, estudos mais aprofundados de filogenética atrelada a redes metabólicas podem trazer grandes avanços para a taxonomia e uso de biomarcadores funcionais onde associações cooperativas e competitivas entre os micro-organismos de diferentes ecossistemas podem ser importante para o entendimento da complexa interação microbiana no solo (Xu et al., 2014).

A palma forrageira é uma cultura que tem grande importância no bioma Caatinga e o conhecimento das comunidades microbianas que interagem com áreas plantadas nas diversas mesorregiões do Estado de Pernambuco, poderá levar a compreensão de muitos problemas que vem passando este cultivo nos últimos anos. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo observar a diferença da comunidade microbiana em três ambientes da região semiárida de Pernambuco: Agreste, Transição e Sertão em solos dos bancos de germoplasma ativo (BAG) de palma forrageira do Instituto Agrônomo de Pernambuco.

MATERIAL E MÉTODOS

Localização, Amostragem, extração e qualidade do DNA: Foram amostrados os solos nas seguintes regiões: Agreste, cidade de Caruaru, situada entre as coordenadas: 8°14'18"S, e 35°55'20"W, a uma altitude de 537m a 138 km da capital, Transição, cidade de Arcoverde, cujas coordenadas são: 8° 25' 08" S e 37° 03' 00" W e, Sertão, cidade de Serra Talhada, cuja as coordenadas são: 7° 59'00"S e 38° 19'16"W. A amostragem do solo da rizosfera foi realizada usando um core de 8 cm de diâmetro e profundidade de 5 cm. Cada BAG foi dividido por partes iguais 20 X 20 m, passado um transecto de 20 metros e a cada 1 metro retirado uma amostra com o core, fazendo uma subamostra. Em cada BAG, foram realizadas 3 subamostras. Estas amostras foram levadas a laboratório e extraído o DNA do solo usando o Kit de Purificação DNA do Solo Miniprep HiPura™ -MB542, de acordo com o fabricante. De cada extração foi verificado a qualidade e quantidade de DNA e depois misturados em quantidades iguais e enviados para sequenciamento na Macrogen Inc Korea. Dados de

processamento foram realizados usando o software FLX GS Roche Software v. 2.9. Os *primers* usados para amplificação do gene 16S rRNA foram: 27F (GAGTTTGATCMTGGCTCAG) e 518R (WTTACCGGGCTGCTGG), da região hipervariável V1-V3, para cada amostra foi adicionado um *barcode* com 10 nucleotídeos. As sequências foram processadas usando the Quantitative Insights Into Microbial Ecology toolkit (QIIME) (Caporaso, Kuczynski et al., 2010). As sequências com qualidade >Q20 e homopolímeros >6, foram alinhados. Antes foram removidos os *barcodes* e as sequências de tamanho esperado foram mantidas para processamento posterior. As sequências foram agrupadas dentro de OTUs com 97% de similaridade usando UCLUST(Edgar, 2010). A sequência representativa de cada OUT foi alinhada outra vez no Greengenes coreset usando PyNAST (Caporaso et al., 2010), com sequências classificadas no banco de dados Greengenes via UCLUST(Edgar, 2010). Foi gerada uma tabela de OUT no format.Biom. Os perfis de alpha e beta diversidade foram obtidos de acordo com o Qiime's 454 tutorial (<http://qiime.org/tutorials/tutorial.html>).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número de unidades taxonômicas operacionais (OTUs) detectadas através deste estudo foram: 9.838 para região do Agreste, 8.388 para a região de transição e, 14.849 para a região do Sertão Interessante é que o maior número de OTUs observadas é inversamente proporcional ao índice de Chao-1. (Figura 1). Shange et al. (2012), observaram os maiores índices de Chao-1 em sistemas de florestais e por último em solos cultivados. No caso das regiões estudadas, este índice foi maior no Agreste, mostrando uma maior riqueza, talvez em função de ser uma área onde a precipitação é maior que as demais, ou em função das plantas de palma plantadas no BAG do Agreste. Estudos realizados por Fierer et al. (2007) e Singh et al. (2010), demonstraram que tanto a β -proteobacteria como Actinobacteria possuem um estilo de vida copiotrófico enquanto que as Acidobacteria são oligotróficas (exigem alta concentração de nutrientes). Significando que estes filos podem ser classificados tomando como base a mineralização do carbono. Isto é interessante, visto que, no caso da cultura da palma forrageira onde o cultivo é intenso, bactérias copiotróficas (exigem baixa concentração de nutrientes) deveriam estar presentes já que interfere no alto conteúdo de carbono orgânico, nitrogênio total, e na ciclagem de nutriente, porém, o filo Acidobacteria variou entre 9



12%, não sendo de grande significância entre as mesorregiões.

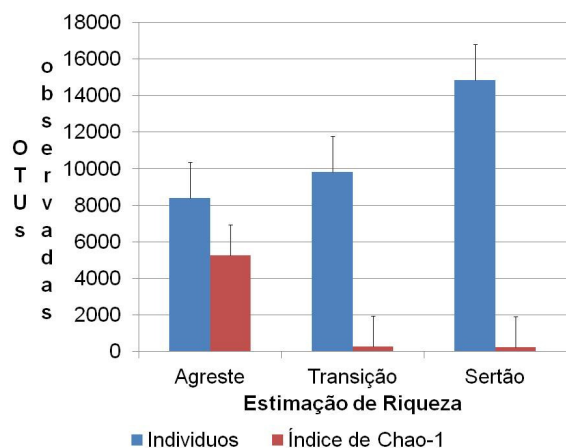


Figura 1: Gráfico da estimação do índice de Chao-1 em função do número de indivíduos por OTUs observadas nas mesorregiões do Estado de Pernambuco nos diferentes Bancos de Germoplasma Ativo (BAG) de palma forrageira.

De uma forma geral, o solo do Sertão (**Tabela 1**) mostrou-se mais pobre em termos de nutrientes, principalmente quando observamos o fósforo e cálcio. Alguns autores observaram que quando o pH do solo é ácido, pode ocorrer a redução do número de OTUs. Todos os solos estudados estão na faixa de moderadamente ácidos e, portanto, não caberia esta afirmação neste estudo, pelo contrário, as OTUs na região do Sertão foram praticamente o dobro das outras duas regiões.

Na **Figura 2**, observamos quatro índices de diversidade em relação ao número de OTUs encontradas em cada mesorregião. Estes dados de riqueza e diversidade mostraram que o Agreste estabelece uma maior riqueza do que a região de Transição e Sertão. A riqueza de espécies, a equitabilidade e a dominância das diferentes espécies (Magurran, 1988) mostram variações em função de fatores bióticos e abióticos e que influenciam na distribuição e seleção de espécies. No Sertão, observamos um maior valor de dominância e uma menor diversidade, onde valores de Shannon menores podem ser atribuídos a maior riqueza de grupos taxonômicos e pela elevada dominância. O aumento da riqueza no Agreste e Transição pode ser atribuído a maior precipitação nestas áreas, e assim, o resultado obtido é condizente com o esperado, visto que, a região de Transição comportou-se como verdadeira interface Agreste-Sertão.

Esta diferença entre Agreste-Transição com o Sertão em números de OTUs pode também estar relacionada com os diferentes acessos de palma forrageira, visto que, os BAGs possuem diferentes plantas e no caso do Sertão, a rizosfera pode ter

maior riqueza, porém com uma dominância de espécies microbianas, talvez porque a adaptação dos micro-organismos as altas temperaturas e a escassez de chuva limite a presença de algumas famílias.

Tabela 1: Características químicas e físicas dos solos amostrados por cada mesorregião.

Propriedades do solo	Agreste	Transição	Sertão
pH (H ₂ O)	5.5	5.7	5.5
P (mg/dm ³)	228	178	42
Ca (cmol _c /dm ³)	6.90	5.60	3.35
Mg (cmol _c /dm ³)	0.75	1.00	1.05
Na (cmol _c /dm ³)	0.07	0.08	0.06
K (cmol _c /dm ³)	0.25	0.19	0.25
Al (cmol _c /dm ³)	0.10	0.05	0.10
H (cmol _c /dm ³)	4.93	3.90	3.20
S (cmol _c /dm ³)	8.0	6.9	4.7
CTC (cmol _c /dm ³)	13.0	10.8	8.0
Areia grossa	48	30	54
Areia Fina	19	36	20
Silte	22	26	18
Argila	11	8	8
Água Disponível			
%	8.36	6.15	6.22
mm/cm	1.12	0.95	0.90
Dap (g/cm ³)	1.34	1.54	1.45
Dr (g/cm ³)	2.56	2.56	2.56

Dap – Densidade aparente; Dr – Densidade real

Com relação à composição da comunidade bacteriana nestes solos, podemos dizer que aparecerem 19 Filos (incluindo os desconhecidos). A abundância relativa dos 8 filios mais abundantes estão no **Gráfico 3**. Houve diferença entre a abundância relativa dos filios em função das mesorregiões. O filo mais abundante na região do Agreste foi a Proteobacteria (57%), seguida de 16% da Actinobacteria e 10% da Acidobacteria. Já nas mesorregiões Transição e Sertão, o filo mais abundante foi Actinobacteria (40%, 38%, respectivamente) e Acidobacteria (9%, 12%, respectivamente).

Dentro das Proteobacteria, na região Agreste, houve uma predominância das α e γ -Proteobacteria com um percentual de 37% e 13%, diminuindo os percentuais na região de Transição e Sertão. Enquanto que nas regiões de Transição e Sertão, as predominâncias maiores foram das Actinobacteria: Thermoleophilia (13 e 18%) e Actinobacteria (24 e 15%) ao nível de classe. A



proteobacteria é o filo mais abundante em comunidade bacteriana do solo, apresentado uma dominância maior de 70% em amostras de deserto (Xu et al, 2014).

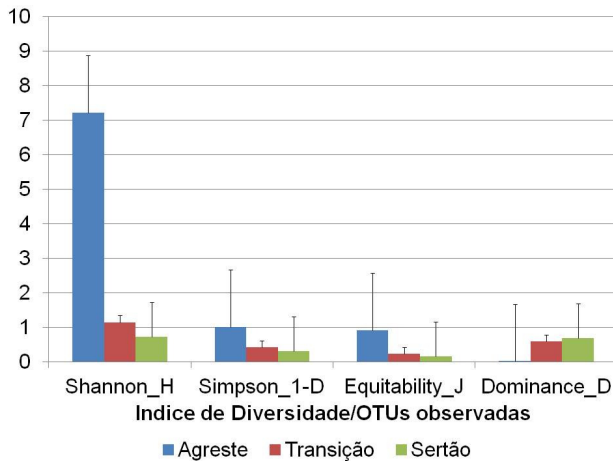


Figura 2: Gráfico dos índices de diversidade/dominância nas três mesorregiões do Estado de Pernambuco nos diferentes Bancos de Germoplasma Ativo (BAG) de palma forrageira.

No nosso estudo não foi diferente, porém, as porcentagens foram menores na região com maior aridez, a presença do filo Actinobacteria foi aumentando de proporção. Considerando percentuais acima de 5% de prevalência, observamos que as famílias *Gaiellales* teve maior presença na região mais árida e de 5% nas outras regiões. Enquanto que, as famílias: *Rhizobiales*, *Rhodospirales* apresentaram uma maior presença nas regiões de Transição e Agreste. Alguns grupos taxonômicos podem responder a mudanças na composição do solo, no manejo da terra e também na perturbação do ambiente. Como este estudo foi realizado em um ambiente onde existe uma grande diversidade de acessos de palma forrageira, talvez, este comportamento pode ter sido influenciado pela rizosfera da palma. Segundo Lançoni et al. (2013), estudando a diversidade dos micro-organismos na rizosfera de três leguminosas no semiárido nordestino, observaram que, estas comunidades podem ser visivelmente modificadas na presença e ausência de chuva dependendo de cada situação, bem como, das características morfológicas, físicas e químicas do solo que podem influenciar na estrutura destas comunidades microbianas.

No nível de Família, podemos dizer que a mesorregião do Sertão tem aproximadamente 10% da família *Gaiellaceae*, que se caracteriza por ser termófila onde o crescimento pode ser entre (45 a 60°C), catalase e oxidase positiva, e de utilizar vários compostos orgânicos além de possuir uma característica muito importante que é a presença de

ácidos graxos ramificados (Albuquerque et al, 2011).

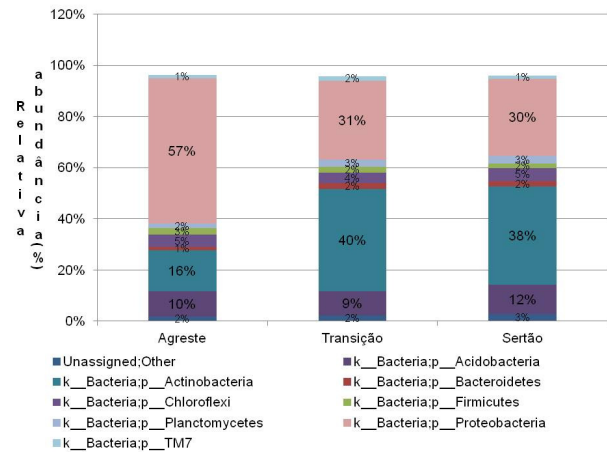


Figura 3: Abundância relativa dos maiores grupos taxonômicos observadas nas mesorregiões do Estado de Pernambuco nos diferentes Bancos de Germoplasma Ativo (BAG) de palma forrageira (Incluídos apenas os filios que possuem uma abundancia relativa consistente > que 1%.)

À medida que a temperatura é menor e uma maior precipitação, ocorre a predominância das ordens Rhizobiales e Rhodospirillales. As famílias que possuem mais de 5% de predominância são *Caulobacteraceae*, *Bradyrhizobiaceae* e *Hyphomicrobiaceae*, *Acetobacteraceae* e *Rhodospirillaceae* (Figura 4). As demais famílias apresentaram predominância menor que 5%.



Figura 4: Distribuição taxonômica da comunidade microbiana dos solos a nível de família observadas nas mesorregiões do Estado de Pernambuco nos diferentes Bancos de Germoplasma Ativo (BAG) de palma forrageira. A legenda mostra as unidades taxonômicas com medias de abundancia relativa de > 1%.

De acordo Collins et al. (2008), os solos do semiárido são ambientes onde a seleção natural tem levado a selecionar organismos que resistem a uma variação extrema de fatores climáticos como a

incidência de chuva e temperatura e que concorda com os dados obtidos neste estudo. As palmas são da Família das cactaceae, que estão extremamente adaptadas ao semiárido e possivelmente na rizosfera destas plantas, as comunidades microbianas devem interagir com as raízes da palma e como a atividade metabólica destas plantas praticamente cessam na estação seca, os exsudatos das raízes podem seguir o mesmo padrão. Estes exsudatos podem ser um dos componentes que mediam a interação entre as plantas e os micro-organismos neste ambiente em especial (Bais et al., 2006). O resultado deste estudo mostra de forma bem clara que as diferentes mesorregiões apresentam diferenças nas comunidades bacterianas em função das diferenças entre quantidade de precipitação e temperatura, além das diferenças nas características do solo. Também vale ressaltar que cada Banco de Germoplasma ativo possui diferentes acessos de palma forrageira e, portanto, estas distintas plantas pode interferir na interação entre as comunidades microbianas existentes na rizosfera das mesmas. Como o semiárido pernambucano, principalmente o bioma Caatinga é pouco estudado quanto a estrutura de suas comunidades microbianas e as funções que estas possuem em cada ambiente, podemos esperar que estudos mais detalhados fossem realizados visando, conhecer e entender de forma mais contundente a função destes micro-organismos e seu papel na adaptação de uma cultura como a palma forrageira de tanta importância para a pecuária nordestina.

CONCLUSÕES

Com este estudo em larga escala do gene 16S rRNA ribossomal podemos concluir que o estabelecimento de distintas comunidades bacterianas nos solos das diferentes mesorregiões do estado de Pernambuco pode ajudar a entender o comportamento destas bactérias e que a diferenças na distribuição de chuvas e as altas temperaturas podem influenciar na composição, estrutura e filogenia. Além da interferência da cultura da palma que por ser uma planta altamente adaptada ao semiárido, pode modificar de forma importante a diversidade destes micro-organismos. Futuros estudos devem ser realizados para elucidar e validar as divergências encontradas em alguns taxons.

AGRADECIMENTOS

Agradecimento a CAPES/PNPD/FINEP (02714/09-4) pelo apoio financeiro. A Dra. Paula

Regina Kuser Falcão da EMBRAPA Agropecuária por ter recebido a primeira autora em seu grupo para a realização das análises de bioinformática.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE L., FRANÇA, L., RAINEY, F.A., SCHUMANN P., NOBRE M.F. & DA COSTA M.S. *Gaiella occulta* gen. nov., sp. nov., a novel representative of a deep branching phylogenetic lineage within the class Actinobacteria and proposal of Gaiellaceae fam. nov. and *Gaiellales* ord. nov. *Systematic and Applied Microbiology*, 34:595-599, 2011.
- BAIS, H.P.; WEIR, T.L., PERRY, L.G., GILROY, S. & VIVANCO, J.M. The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms. *Annual Review of Plant Biology*, 57:233–266, 2006.
- BARDGETT, R. D. The biology of soil: a community and ecosystem approach. Oxford University Press, 2005.
- CAPORASO, J. G., BITTINGER, K., BUSHMAN, F. D., DESANTIS, T. Z., ANDERSEN, G. L., & KNIGHT, R. PyNASt: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment. *Bioinformatics*. 26: 266-267, 2010.
- CAPORASO, J. G., KUCZYNSKI, J., STOMBAUGH, J., BITTINGER, K., BUSHMAN, F. D., COSTELLO, E. K., & KNIGHT, R. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 7:335–336, 2010.
- COLLINS, S. L., SINSABAUGH, R. L., CRENSHAW, C., GREEN, L., PORRAS-ALFARO, A., STURSOVA, M., & ZEGLIN, L. H. Pulse dynamics and microbial processes in aridland ecosystems. *Journal of Ecology*, 96:413-420, 2008.
- DEFRIES, R. S., ASNER, G. P., & HOUGHTON, R. A. Ecosystems and land use change. Washington DC American Geophysical Union Geophysical Monograph Series, 153. 2004.
- DUPOUEY, J.L., DAMBRINE, E., LAFFITE, J.D. & MOARES, C. Irreversible impact of past land use on forest soils and biodiversity. *Ecology*, 83: 2978–84, 2002.
- EDGAR, R. C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26:2460-2461, 2010.
- FIERER, N., BRADFORD, M. A., & JACKSON, R. B. Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 88:1354-1364, 2007.
- FU, B., CHEN, L., MA, K., ZHOU, H., & WANG, J. The relationships between land use and soil conditions in the hilly area of the loess plateau in northern Shaanxi, China. *Catena*, 39:69-78, 2000.



- HONNAY, O., PIESSENS, K., VAN LANDUYT, W., HERMY, M., & GULINCK, H. Satellite based land use and landscape complexity indices as predictors for regional plant species diversity. *Landscape and urban planning*, 63:241-250, 2003.
- HOUGHTON, R. A., & GOODALE, C. L. Effects of land-use change on the carbon balance of terrestrial ecosystems. *Ecosystems and land use change*, 153: 85-98. 2004.
- HORNER-DEVINE, M. C., LAGE, M., HUGHES, J. B., & BOHANNAN, B. J. A taxa-area relationship for bacteria. *Nature*, 432:750-753, 2004.
- NESSNER KAVAMURA, V., TAKETANI, R. G., LANÇONI, M. D., ANDREOTE, F. D., MENDES, R., & SOARES DE MELO, I. Water Regime Influences Bulk Soil and Rhizosphere of *Cereus jamacaru* Bacterial Communities in the Brazilian Caatinga Biome. *PLoS One*, 8:e73606. 2013.
- KLINDWORTH, A., PRUESSE, E., SCHWEER, T., PEPLIES, J., QUAST, C., HORN, M., & GLÖCKNER, F. O. Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic acids research*, gks808. 2012.
- LANÇONI, M. D., TAKETANI, R. G., KAVAMURA, V. N., & DE MELO, I. S. Microbial community biogeographic patterns in the rhizosphere of two Brazilian semi-arid leguminous trees. *World J Microbiol Biotechnol*, 29:1233-1241, 2013.
- MAGURRAN, A. E. Why diversity?. In *Ecological Diversity and Its Measurement* (pp. 1-5). Springer Netherlands. 1988.
- PARFITT, R. L., SCOTT, N. A., ROSS, D. J., SALT, G. J., & TATE, K. R. Land-use change effects on soil C and N transformations in soils of high N status: comparisons under indigenous forest, pasture and pine plantation. *Biogeochemistry*, 66:203-221, 2003.
- SHANGE, R. S., ANKUMAH, R. O., IBEKWE, A. M., ZABAWA, R., & DOWD, S. E. Distinct soil bacterial communities revealed under a diversely managed agroecosystem. *PLoS One*, 7:e40338. 2012.
- SILVA, J. D., TABARELLI, M., FONSECA, M. D., & LINS, L. V. Biodiversidade da Caatinga: áreas e ações prioritárias para a conservação. Ministério do Meio Ambiente, Brasília. 2004.
- SINGH, B. K., BARDGETT, R. D., SMITH, P., & REAY, D. S. Microorganisms and climate change: terrestrial feedbacks and mitigation options. *Nature Reviews Microbiology*, 8:779-790, 2010.
- TAKETANI, R. G., KAVAMURA, V. N., MENDES, R., & MELO, I. S. Functional congruence of rhizosphere microbial communities associated to leguminous tree from Brazilian semiarid region. *Environmental microbiology reports*, 7: 95-101. 2015.
- TROVÃO, D.M.B.M.; FERNANDES, P.D.; ANDRADE, L.A. & NETO, J.D. Variações sazonais de aspectos fisiológicos de espécies da Caatinga. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 11: 307-311, 2007.
- XU, Z., HANSEN, M. A., HANSEN, L. H., JACQUIOD, S., & SØRENSEN, S. J. Bioinformatic approaches reveal metagenomic characterization of soil microbial community. *PLoS one*, 9:e93445. 2014.

**XXXV Congresso
Brasileiro de
Ciência do Solo**

CENTRO DE CONVENÇÕES - NATAL / RN



**O SOLO E SUAS
MÚLTIPLAS FUNÇÕES**
02 a 07 DE AGOSTO DE 2015