

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO

TIAGO DE OLIVEIRA SANTOS

**COMUNIDADES MICROBIANAS E ESTOQUES DE CARBONO E
NITROGÊNIO EM LUVISSOLO CRÔMICO SOB DIFERENTES
NÍVEIS DE DEGRADAÇÃO NO SEMIÁRIDO DO BRASIL**

**RECIFE
2019**

Tiago de Oliveira Santos
Engenheiro Florestal

Comunidades microbianas e estoque de carbono e nitrogênio em Luvissole Crômico sob diferentes níveis de degradação no Semiárido do Brasil

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciência do Solo.

Orientadora: Profa. Dra. Giselle Gomes Monteiro Fracetto

Coorientador: Dr. Felipe José Cury Fracetto

Coorientador: Prof. Dr. Valdomiro Severino de Souza Júnior

RECIFE
2019

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE
Biblioteca Central, Recife-PE, Brasil

S237c Santos, Tiago de Oliveira.
Comunidades microbianas e estoques de carbono e nitrogênio em Luvisolos Crômicos sob diferentes níveis de degradação no Semiárido do Brasil / Tiago de Oliveira Santos. – Recife, 2019.
114 f.: il.

Orientador(a): Giselle Gomes Monteiro Fracetto.
Coorientador(a): Felipe José Cury Fracetto, Valdomiro Severino de Souza Júnior.
Tese (Doutorado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, Recife, BR-PE, 2019.
Inclui referências.

1. Semiárido 2. PCR-DGGE 3. PCR quantitativa em tempo real 4. Horizontes do solo
I. Fracetto, Giselle Gomes Monteiro, orient. II. Fracetto, Felipe José Cury, coorient.
III. Souza Júnior, Valdomiro Severino de, coorient. III. Título

CDD 631.4

Ao meu voinho (*in memoriam*) que honrosamente fora intitulado como “Enciclopédico Estanciano” mesmo sem nenhuma formação acadêmica. Por todo amor e orientação

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por me conceder a vida, o respeito pela natureza e sede de compreendê-la. E por me proporcionar maturidade e discernimento para ultrapassar as adversidades que me são impostas.

A minha família, em especial a memória dos meus amados pais-avós (João Batista e Tercila) que me permitiram ser o que sou e chegar até onde cheguei. Obrigado por sonharem tão alto comigo. A saudade gigante dói mas sei que onde estiverem estão celebrando nossa vitória, o primeiro doutor da família de João de Agui. A minha querida mãe, minha rainha, minha vida e minha luz, por todo puxão de orelha, por sempre me mostrar o caminho da luz, por esse amor incondicional e pelas suas orações. Aos meus irmãos Edson e Éric por todo apoio e amor e por simplesmente existirem em minha vida, melhores não poderia querer. A minha cunhadinha Carlinha, por tudo que fez e faz por nós e por sua dedicação e amor ao meu irmão. Ao meu companheiro de vida, Eduardo, pela sensibilidade e conselhos preciosos, por todo o suporte afetivo disponibilizado, por se predispor a compartilhar comigo a vida e por me aceitar como sou. Obrigado por esses quase 15 anos de respeito, compreensão e dedicação. E não poderia deixar de agradecer aos meus adoráveis filhos, Frederico e Dóris, pela sincera companhia, fidelidade, vocês me enchem de amor.

A minha INDESCRITÍVEL orientadora, Giselle Fracetto, pela qual tenho enorme apreço, agradeço pelas oportunidades concedidas, pelos sábios conselhos durante a fase obscura da minha vida acadêmica, por não me deixar desistir de um grande e ousado sonho, por sua dedicação extraordinária, pela sua gigante paciência, por toda confiança depositada em mim, e por me permitir conhecer este grande amigo que é o Felipe Fracetto. A Fê agradeço por toda paciência em me ensinar práticas laboratoriais, por esse zelo incondicional com seus “filhos”, por responder prontamente meus questionamentos diários, por não me deixar desanimar com tantas DGGes frustradas, pelo ombro amigo, pelas noites descontraídas, pela melhor pizza e pelo melhor churrasco. Vocês me permitiram conhecer e conviver com pessoas extraordinárias. Levarei vocês por toda a vida em meu coração, meus amigos.

A todos os bons amigos que fiz no Laboratório de Microbiologia e Bioquímica de Solos, em especial aos meus irmãos: Martins (Felipe), Petros (Petrônio), Toluca (Victor Lucas), Cintí (Cintia), Lucía e Xuxeta (Débora). E, mais especial ainda ao melhor estagiário da galáxia, Yoki (Yure), grande foi sua contribuição para o andamento e conclusão deste trabalho, desejo imensamente que continue sua jornada científica pois seu potencial te levara longe, *avoe*. Gente, com vocês foi muito mais fácil a concretização deste ciclo, minha eterna gratidão.

Recatado que sou, fiz poucos amigos no Programa de Pós-Graduação em Ciência do solo da UFRPE, mas quero agradecer aos que suportaram minha loucura durante essa árdua jornada. Adriana, Aglair, Aleks, Carlos Victor, Cintia, Danilo, Danúbia, David, Emanuelle, Emmanuella, Eva, Hidelblandi, Iderlane, Jamilly, Janyelle, Jéssica, Jhony, Joais, Juliet, Juscélia, Leandro, Luiz, Magda, Marilya, Mayame, Mayanne, Michelle, Nara, Pablo, Rennan, Sueide, Stella, Vanessa, Vinicius, Vitória, Wildson, William, vocês foram essenciais durante este processo, aprendi muito com vocês, obrigado por tudo. Espero que nossos caminhos se cruzem mais vezes.

Aos professores do Programa, os quais me permitiram mergulhar fundo e viajar no mundo que é a Ciência do Solo, em especial ao Prof. Valdomiro por toda orientação, dedicação, conselhos e por viabilizar o desenvolvimento desta pesquisa. E ao Dr. José Coelho pela disposição e auxílio nas coletas de campo.

A Socorrinho, esse anjo luz que fez meus dias mais leves, por sempre ter a palavra certa na hora certa, por todas as risadas e abraços fortes, muito obrigado.

Aos meus amigos da SEMA Paulista, Jô, Geanne, Bruna, Laura, Victor, Herbert e Andrea, muito obrigado por toda “cobertura” e incentivo diário durante essa reta final. Foi muito bom conhecer e poder trabalhar com profissionais tão cúmplices e tão compromissados.

A minhas amigas de toda uma vida, em especial a Lidiane, Liana e Karen, por todo amor, agradeço.

A todos que não foram citados mas que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

Por fim, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) pela concessão da bolsa e a UFRPE pela disponibilidade e infraestrutura para o desenvolvimento desta pesquisa.

Comunidades microbianas e estoques de carbono e nitrogênio em Luvissoles Crômicos sob diferentes níveis de degradação no Semiárido do Brasil

RESUMO

A desertificação é uma realidade agravante no semiárido tropical e atualmente tem sido alvo de diversos estudos que buscam estabelecer relações entre a vegetação, o solo e a microbiota residente. O objetivo deste trabalho foi avaliar alterações na atividade, estrutura e abundância de comunidades microbianas em Luvissoles crômicos, inseridos no Semiárido pernambucano sob diferentes níveis de desertificação, bem como identificar quais atributos do solo moldam as comunidades, definindo indicadores de qualidade ambiental para o bioma Caatinga. Carbono, nitrogênio e fósforo na biomassa microbiana do solo (C-BMS, N-BMS, P-BMS), respiração basal do solo, atividades enzimáticas no solo (fosfatase alcalina e urease), estrutura e abundância de genes ribossomais e funcionais foram avaliados. Quociente microbiano, quociente metabólico, atributos químicos e físicos, atividade da fosfatase alcalina e urease, glomalina facilmente extraível e glomalina total foram determinadas. As amostras de solo foram coletadas em triplicata, por horizontes, em três perfis: desertificado (P1) - Itacuruba (PE); em processo de desertificação (P2) - Itacuruba (PE); e em Caatinga secundária preservada (P3) - Serra Talhada (PE). Para avaliar a influência dos atributos químicos, físicos e microbiológicos dos Luvissoles sob níveis de desertificação, diminuir a dimensionalidade dos dados e identificar indicadores microbiológicos de qualidade do solo, durante o período seco, e que respondessem significativamente à desertificação foi empregada análise multivariada de ordenamento, para tal foi utilizada a estrutura da comunidade microbiana (DGGE). A abundância dos genes 16S rRNA, 18S rRNA (fungos), *nifH* (fixação biológica de nitrogênio), *amoA* (bactérias amônio oxidantes - AOB) e *phoD* (solubilização de fósforo) foi submetida à análise de variância (ANOVA One-way) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$), assim como para o C-BMS, N-BMS, P-BMS, respirometria, fosfatase alcalina, urease, glomalina e todas as demais variáveis químicas e físicas do solo. A desertificação resultou em perdas substanciais nos estoques de carbono e nitrogênio, principalmente no horizonte superficial A. Entretanto, constatou-se que a profundidade também detém influência sobre os atributos do solo não sendo possível definir se é o horizonte ou a profundidade que rege a microbiota em solos. A estrutura das comunidades microbianas foi moldada tanto pelo nível de desertificação quanto pelo horizonte pedogenético, contudo algumas sobreposições de comunidades foram identificadas. Na condição de Caatinga preservada foi possível observar uma segregação entre o solo superficial e subsuperficial, já na área desertificada um estreitamento da comunidade foi registrado. E para a área em desertificação, dependendo do gene, ora assemelha-se com a referência, ora com a desertificada. Grande impacto no estoque de carbono do solo foi apontado, apresentando reduções significativas que ultrapassam 60% do montante estocado nos Luvissoles estudados.

Palavras-chave: Semiárido. PCR-DGGE. PCR quantitativa em tempo real. Horizontes do solo.

Microbial communities and carbon and nitrogen stocks in Chromic Luvisol under different degradation levels in Brazil's Semiarid

ABSTRACT

Desertification is an aggravating reality in tropical semiarid regions and has been the target of several studies that aim to establish relationships among vegetation, soil type and resident microbiota. In this study, we evaluated the changes in the activities, structure and abundance of microbial communities in chromic Luvisols, located in Pernambuco (Brazil) under different levels of desertification, as well as identified which soil attributes were responsible for shaping the microbial communities, and defined environmental quality indicators for the Caatinga biome. Carbon, nitrogen and phosphorus from soil microbial biomass (C-BMS, N-BMS, P-BMS), soil basal respiration, soil enzymatic activities (alkaline phosphatase and urease), structure and abundance of ribosomal and functional genes were evaluated. Besides, microbial quotient, metabolic quotient, chemical and physical attributes, alkaline phosphatase and urease activity, easily extractable glomalin and total glomalin were also determined. Soil samples were collected in triplicate by soil horizons in three conditions: i- at desertified soil (P1) - Itacuruba (PE); ii- at process of desertification (P2) - Itacuruba (PE) and iii- at preserved secondary Caatinga (P3) - Serra Talhada (PE). We used a multivariate planning analysis to evaluate the influence of chemical, physical and microbiological attributes of Luvisols under desertification levels. In addition to reducing the dimensionality of the data and identifying microbiological indicators of soil quality that responded significantly to desertification, a multivariate analysis was used. 16S rRNA (bacteria), 18S rRNA (fungi), *nifH* (biological nitrogen fixation), *amoA* (oxidizing ammonium bacteria - AOB) and *phoD* (phosphorus solubilization) genes abundance were subjected to variance analysis (One-way ANOVA) and the means compared by Tukey test ($p < 0.05$), as well as for C-BMS, N-BMS, P-BMS, basal respiration, alkaline phosphatase, urease, glomalin and all other soil chemical and physical variables. Desertification almost completely compromised the biological, chemical and physical attributes of Luvisols, this resulted in significant losses in carbon, and nitrogen stocks, especially in the A surface horizon. However, we found that soil depth also influences on soil attributes, so it was not possible to define whether it is the horizon or depth that defines the role of the microbiota. Both the level of desertification and the pedogenetic horizon modeled the structure of microbial communities, however some community overlaps were identified. In the preserved Caatinga condition it was possible to observe a segregation between the superficial and subsurface soil, while in the desertified soil a narrowing of the microbial community was registered. In soil under desertification, depending on the gene evaluated, sometimes resembles the reference, sometimes with the desertified. A large impact on soil carbon stock was highlighted, showing significant reductions that exceed 60% of the amount stored in the studied Luvisols.

Keywords: Semiarid. PCR-DGGE. Real-time quantitative PCR. Horizons of soil profile.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Características dos horizontes e suas respectivas profundidades de perfis de Luvissole sob diferentes níveis de desertificação	40
Tabela 2 - Primers e condições de ciclagem utilizadas para amplificação de genes alvo	47
Tabela 3 - Primers e condições de ciclagem utilizadas para a quantificação em tempo real da abundância de genes alvo	50
Tabela 4 - Características físicas e químicas de Luvissoles e seus horizontes provenientes de Itacuruba e Serra Talhada, Semiárido Pernambucano	53
Tabela 5 - Valores de R Statistic do teste de pareamento da análise de similaridade baseados nos perfis da eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE) do gene 16S rRNA (bactéria total), 18S rRNA (fungo total), <i>amoA</i> (AOB) (bactérias amônio oxidantes), e <i>nifH</i> (diazotróficos) em Luvissoles sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano	67
Tabela 6 – Abundância do gene ribossomal 16S rRNA (bactérias totais) em perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano	68
Tabela 7 – Abundância do gene ribossomal 18S rRNA (fungos totais) em perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano	69
Tabela 8 – Abundância do gene funcional <i>nifH</i> (diazotróficos) em perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano	70
Tabela 9 – Abundância do gene funcional <i>amoA</i> (AOB – Bactéria amônio oxidante) em perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano	71
Tabela 10 – Abundância do gene funcional <i>phoD</i> (mineralização de P) em perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano	72

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Distribuição de terras secas na América do Sul, de acordo com os Índices de Aridez	22
Figura 2 – Paisagens das áreas de estudo: Itacuruba-PE desertificado (P1); Itacuruba-PE em desertificação (P2) e Serra Talhada-PE referência (P3)	37
Figura 3 - Localização das áreas de estudo com ênfase na precipitação pluviométrica média anual: Itacuruba (P1 e P2) e Serra Talhada (P3), Pernambuco, Brasil	38
Figura 4 - Paisagem de Caatinga na área de referência, Serra Talhada (PE)	39
Figura 5 - Perfil de Luvissole crômico sob Caatinga no município de Itacuruba (PE), classificado como desertificado (P1)	40
Figura 6 - Perfil de Luvissole crômico sob Caatinga no município de Itacuruba (PE), classificado como em desertificação (P2)	41
Figura 7 - Perfil de Luvissole crômico sob Caatinga no município de Serra Talhada (PE), classificado como referência (P3).....	42
Figura 8 - Alguns dos espécimes vegetais típicos de Caatinga registrados nas áreas de Itacuruba (P2) e Serra Talhada (P3)	43
Figura 9 – Médias dos teores totais de carbono e nitrogênio em perfis de Luvissoles crômico e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação	55
Figura 10 – Médias das relações C/N dos teores totais para perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação	56
Figura 11 – Estimativa dos estoques de C e N totais para perfis de Luvissoles e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação	57
Figura 12 - Estimativa do carbono na biomassa microbiana do solo (C-BMS) em perfis de Luvissoles crômicos, por horizonte, provenientes do Semiárido Pernambucano sob diferentes níveis de desertificação.....	58
Figura 13 - Estimativa do teor de nitrogênio na biomassa microbiana do solo (N-BMS) em perfis de Luvissoles crômicos, por horizonte, provenientes do Semiárido Pernambucano sob diferentes níveis de desertificação	59

Figura 14 – Média da relação C/N na biomassa microbiana do solo (BMS) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação	60
Figura 15 - Estimativa do teor de fósforo na biomassa microbiana do solo (P-BMS) em perfis de Luvisolos crômicos, por horizonte, provenientes do Semiárido Pernambucano sob diferentes níveis de desertificação	61
Figura 16 - Respiração basal do solo acumulada aos 5 dias de incubação em perfis de Luvisolos provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação	62
Figura 17 - Respiração basal do solo acumulada aos 5 dias de incubação nos diferentes horizontes em perfis de Luvisolos, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação.....	63
Figura 18 - Quociente metabólico (qCO_2) em $mg\ C-CO_2\ mg\ Cmic^{-1}\ dia^{-1}$ e quociente microbiano ($qMic$) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação	64
Figura 19 - Escalonamento multidimensional (MDS) para os genes ribossomais do 16S rRNA (bactérias totais) e 18S rRNA (fungos totais), e para os genes funcionais <i>nifH</i> (diazotróficos) e <i>amoA</i> (AOB) (bactérias amônio oxidantes) em perfis de Luvisolos sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano. Os símbolos representam os horizontes	66

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	17
1.1 Hipóteses	19
1.2 Objetivo Geral	19
1.3 Objetivos Específicos	19
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	21
2.1 Terras Secas, Nordeste Brasileiro e o Bioma Caatinga.....	21
2.2 Solos do Semiárido Brasileiro	24
2.3 Luvissole	25
2.4 Desertificação	26
2.5 Estoque de C e N	28
2.6 Indicadores Microbiológicos de qualidade de solos.....	30
2.7 Diversidade microbiana.....	33
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	37
3.1 Área de estudo e coleta de amostras	37
3.2 Atributos químicos e físicos do solo	43
3.3 Atributos microbiológicos	44
3.4 Extração e quantificação do DNA metagenômico	46
3.5 PCR-DGGE	46
3.6 Reação da Cadeia da Polimerase em Tempo Real (<i>qPCR</i>).....	49
3.7 Quantificação da glomalina	50
3.8 Quantificação da fosfatase alcalina	51
3.9 Quantificação da urease.....	51
3.10 Análises estatísticas	51
4 RESULTADOS	52
4.1 Atributos químicos e físicos do solo	52
4.2 Atributos microbiológicos em Luvissoles.....	58
4.2.1 C, N e P na biomassa microbiana do solo (BMS)	58
4.3 Análises moleculares	64
4.3.1 Estrutura das comunidades microbianas (PCR-DGGE).....	64
4.3.2 Abundância das comunidades microbianas (Real Time – <i>qPCR</i>).....	67
5 DISCUSSÃO	82
5.1 Atributos químicos e físicos do solo	82
5.2 Atributos microbiológicos em Luvissoles.....	87

5.2.1 C, N e P na biomassa microbiana do solo (BMS)	87
5.2.2 Respiração basal do solo (RBS), quociente metabólico e quociente microbiano .	87
5.2.3 Atividade enzimática	89
5.2.4 Estrutura e abundância das comunidades microbianas i	90
5.2.4.1 Bactérias totais (16S rRNA)	90
5.2.4.2 Fungos totais (18S rRNA)	92
5.2.4.3 Bactérias diazotróficas (<i>nifH</i>)	93
5.2.4.4 Bactérias amônio oxidantes (<i>amoA</i> - AOB).....	95
5.2.4.5 Bactérias mineralizadoras de P (<i>phoD</i>)	96
6 CONCLUSÕES	97
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	98

1 INTRODUÇÃO

Os Luvissoles, ordem de solo que ocupa extensão considerável no Semiárido brasileiro, são relativamente frágeis quando convertidos, e ainda não possuem uma caracterização detalhada das comunidades microbianas e suas funções ao longo do perfil de solo. Considerando-se a importância do bioma Caatinga para a manutenção da biodiversidade, esforços para o levantamento destas informações são necessários. Ademais, comprovado que fenômenos climáticos catastróficos como a desertificação, possivelmente, podem induzir uma sucessão microbiana com base na capacidade adaptativa das populações microbianas, é indiscutível a necessidade emergencial de dados pretéritos à condição.

A devastação dos ambientes naturais está intrinsecamente ligada às atividades humanas, as quais se relacionam aos interesses socioeconômicos, e em sua maior parte, ignoram a capacidade adaptativa e a resiliência do solo, força motriz na sustentação da biodiversidade frente a grandes distúrbios. Diante disto, pesquisas sobre qualidade do solo estão sendo desenvolvidas nos mais diversos biomas e ecossistemas, apresentando como resultados, indicadores de qualidade ambiental úteis para a identificação de mudanças no funcionamento dos ecossistemas. Mas a deterioração da qualidade ambiental também pode advir de “causas naturais”, como as mudanças climáticas, registradas e monitoradas nos últimos anos. Estas impõem modificações até então nunca vistas e trazem consigo sérias consequências globais, como a redução da biodiversidade, comprometendo a perpetuidade inclusive de organismos ainda não descritos.

No contexto da degradação ambiental, as regiões semiáridas têm gerado grandes preocupações pela fragilidade do ambiente e consequências sociais de sua degradação. Várias estimativas tem mostrado a ampliação progressiva dos limites geográficos das regiões semiáridas e a intensificação de adversidades resultantes do processo de desertificação.

Atualmente, muitas das áreas na região semiárida do nordeste brasileiro estão categorizadas como desertificadas ou em processo de desertificação. São áreas em que o componente vegetal se torna extinto e o solo permanece diretamente exposto aos processos erosivos que, ao evoluírem em grau, destroem a capacidade de auto recuperação dos sistemas naturais. Ademais, é importante destacar que a propensão dos processos de salinização e sodificação nestas áreas é acentuada. Normalmente esses processos estão associados ao regime hídrico deficitário, irrigação inadequada com água de elevado teor de sais solúveis em áreas com drenagem insuficiente e, pelo uso de fertilizantes de forma indiscriminada. Esses processos

envolvendo acúmulo de sais promovem grandes impactos na fertilidade natural do solo, além de reduzir a estabilidade de agregados que compõem a estrutura do solo, promovendo dispersão de partículas coloidais.

Em solos sob desertificação é perceptível que a comunidade vegetal nativa não mais consegue se restabelecer ou apresenta reduzido crescimento vegetativo, entretanto, diversas populações microbianas adaptadas a esses distúrbios e/ou estresse têm sido identificadas.

Comumente, os estudos microbianos envolvem bactérias, fungos e archaeas, e quando mais complexos contemplam funções ecológicas dos micro-organismos que dão suporte aos processos ecossistêmicos do solo, dos quais destaca-se a ciclagem biogeoquímica de elementos e a decomposição/mineralização da matéria orgânica.

Um ponto crucial que favoreceu uma maximização da compreensão sobre micro-organismos do solo foi a adoção de técnicas moleculares, as quais por meio do DNA metagenômico do solo possibilitaram a identificação de uma diversidade microbiana ainda desconhecida nas mais diversas ordens de solo. O uso de técnicas moleculares foi essencial para, como sugerido por alguns pesquisadores, abrir a “caixa preta”, uma vez que técnicas de isolamento e cultivo não permitiam acessar toda a amplitude de táxons existentes no microbioma solo.

Atentando-se ao bioma Caatinga, resultados imprecisos foram disponibilizados ao longo dos anos pela simples definição da profundidade de coleta do solo, limitada aos 40 cm superficiais, o que comprovadamente subestimou a diversidade e funcionalidade microbiana, os estoques de carbono e nitrogênio no solo, refletindo em séria limitação para extrapolação espacial e temporal dos dados. Logo, torna-se imprescindível que para estudos a nível de ecossistema ou de bioma sejam caracterizados também os micro-organismos residentes no subsolo.

Pesquisas exploratórias comumente são realizadas comparando diferentes ordens de solos, diferentes manejos agrícolas e diferentes condições ambientais mas, a comparação das estruturas de comunidades microbianas ao longo de um gradiente de desertificação e comparação com Caatinga preservada, numa mesma ordem de solo (Luvisolo), oriundo de um mesmo material de origem, sob mesma condição de relevo e com um pequeno gradiente de precipitação ainda é desconhecida.

1.1 Hipóteses

A estrutura de comunidades microbianas são determinadas pelos níveis de desertificação em perfis de Luvisolo crômicos provenientes de mesmo material de origem, sob mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação.

Diferentes atributos químicos, físicos e microbiológicos determinam as comunidades microbianas entre níveis de desertificação em perfis de Luvisolo crômicos provenientes de mesmo material de origem, sob mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação.

Luvisolo crômicos oriundos de mesmo material de origem, sob mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação apresenta horizontes capazes de resguardar distintas comunidades microbianas em função de suas características ambientais.

O avanço dos processos degradativos que culminam na desertificação resulta em decaimento do estoque de carbono e nitrogênio em Luvisolos.

1.2 Objetivo Geral

Avaliar possíveis alterações na atividade, abundância e estrutura de comunidades microbianas em Luvisolos crômicos, inseridos no Semiárido pernambucano sob diferentes níveis de desertificação, bem como identificar quais atributos do solo moldam a comunidade e atividade microbiana, definindo indicadores de qualidade ambiental para o bioma Caatinga.

1.3 Objetivos Específicos

- Identificar alterações dos atributos químicos e físicos em perfis de Luvisolo Crômico, por horizonte, provenientes de um mesmo material de origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.
- Estimar os estoques de carbono e nitrogênio por horizonte e em todo o perfil de Luvisolo Crômico, provenientes de um mesmo material de origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.
- Quantificar o C, N e P na biomassa microbiana em perfis de Luvisolo Crômico provenientes de um mesmo material de origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.
- Determinar a estrutura de comunidades de bactérias e fungos e quantificar suas abundâncias em perfis de Luvisolo Crômico provenientes de um mesmo material de

origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.

- Determinar a estrutura das comunidades microbianas funcionais (*nifH*, *amoA* – AOB, *phoD*) e quantificar a abundância desses genes em perfis de Luvisolo Crômico provenientes de um mesmo material de origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.
- Identificar as variáveis ambientais determinantes para a estruturação de comunidades microbianas em perfis de Luvisolo Crômico provenientes de um mesmo material de origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.
- Mensurar o potencial enzimático das comunidades microbianas em perfis de Luvisolo Crômico provenientes de um mesmo material de origem, mesma condição de relevo e com pequeno gradiente de precipitação sob níveis de desertificação.
- Identificar bioindicadores de recomposição da flora no bioma caatinga em áreas desertificadas no contexto do Semiárido.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Terras Secas, Nordeste Brasileiro e o Bioma Caatinga

Regiões áridas, semiáridas e desérticas são por definição áreas que apresentam escassez hídrica, grande amplitude térmica diária, baixos teores de matéria orgânica nos solos e, fauna e flora rigorosamente adaptada às condições climáticas, apresentando-se resistentes à seca, tolerantes aos sais, resistentes à temperaturas elevadas tolerantes ao déficit hídrico por longos períodos (HORI; STUHLBERGER; SIMONETT, 2011). Essa característica limitante é imposta por dois motivos: tanto pela distribuição irregular da precipitação no espaço e no tempo, quanto pela alta evapotranspiração potencial, acarretando em balanço hídrico negativo (RAJAUD; NOBLET-DUCOUDRÉ, 2017).

Por uma visão puramente climática, utilizando a razão entre dados pluviométricos (Precipitação) e evapotranspiração potencial (EPT) foram definidos os diferentes Índices de Aridez de Thornthwaite (IA), os quais foram categorizados em: sub-úmido ($0,5 < IA < 0,65$); semiárido ($0,2 < IA < 0,5$) e árido ($0,05 < IA < 0,2$). Ocupando pouco mais que um terço da superfície terrestre (39,7%), seus respectivos percentuais são: 9,9%, 17,7%, 12,1% (HORI; STUHLBERGER; SIMONETT, 2011). Logo, é possível inferir que aproximadamente 18% da superfície terrestre é constituída de regiões semiáridas, as quais estão sujeitas ao regime pluvial que variam no tempo (frequência e intensidade) e no espaço, a qual rege a ocorrência de fitofisiomias específicas (KOOHAFKAN; STEWART, 2012).

Os biomas identificados em terras secas cobrem dois quintos da superfície terrestre, mas a dimensão da área florestal era até então subestimada. Com base em mais de 210 mil parcelas amostrais de 0,5 ha e fotointerpretação de imagens de satélite de alta resolução espacial e temporal, foi estimado que, em 2015, 1.327 milhões de hectares de terras áridas tinham mais de 10% de cobertura arbórea e 1.079 milhões de hectares compreendiam florestas, superando em aproximadamente 50% as estimativas anteriores (BASTIN et al., 2017).

A América do Sul detém áreas relativamente menos secas ($0,2 < IA < 0,5$) quando comparada aos demais continentes. Segundo Hori, Stuhlberger e Simonett (2011), no Brasil existem apenas áreas sub-úmidas e semiáridas (Figura 1). Limitam-se entre os paralelos de 2°54' S e 17°21' S, ocupando 982.563,3 km² (BRASIL, 2017a) que representam 63,4% da região nordestina e 11,54% do território nacional (ANDRADE et al., 2005).

O Semiárido brasileiro é o maior do mundo em termos de extensão, abrigando aproximadamente 24 milhões de habitantes (12% de toda a população no país), dos quais cerca

de 10 milhões encontram-se em zonas rurais (BRASIL, 2017b). Situada em latitudes aproximadamente equivalentes às da África Oriental tropical, a região semiárida brasileira compartilha algumas características climáticas similares. Nesse sentido, apresenta a mesma circulação superior anticiclônica em níveis mais baixos durante todo o ano, assim como a presença de alguns bolsões de aridez controlados por um vasto arranjo geográfico e topográfico local (CORRÊA et al., 2019).

Figura 1 - Distribuição de terras secas na América do Sul, de acordo com os Índices de Aridez (HORI; STUHLBERGER; SIMONETT, 2011)



Contudo, é importante destacar que com a modelagem bioclimática, estudos recentes apontam para uma possível expansão global das terras secas, fora de sua atual localização tropical. Em adição, possivelmente essa ampliação/alteração seja diretamente proporcional ao aquecimento global, projetado para os cenários futuros (FENG et al., 2014; RAJAUD; NOBLET-DUCOUDRÉ, 2017; HUANG et al., 2018). Estes indícios justificam todo esforço advindo por parte de pesquisadores para um melhor entendimento, tanto em termos de diversidade biológica, quanto das alterações que possam ocorrer provindas de tensores naturais ou antropogênicos.

O domínio da Caatinga é a única grande região natural brasileira cujos limites são restritos ao território nacional. É caracterizada por um mosaico de arbustos espinhosos e florestas secas sazonais, que apresentam limites geográficos definidos pelo clima (LEAL; TABARELLI; SILVA, 2003). Abrange os estados do Maranhão, Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Alagoas, Sergipe, Bahia e Minas Gerais, englobando 1.262 municípios, e perfazendo 969.589,4 km² (BRASIL, 2017b; BRASIL, 2017c), superando em território, a França e a Alemanha juntas (CORRÊA et al., 2019).

Para compreensão atualizada da geografia física do bioma Caatinga não se deve considerar apenas a descrição simplista de atributos fisiográficos, como formas de relevo, solos e vegetação. É necessário entender como essas paisagens evoluíram ao longo do tempo em resposta complexa às mudanças climáticas, à tectônica e ao uso da terra (CORRÊA et al., 2019).

Historicamente é possível observar que, ao longo dos anos, a precipitação é distribuída de forma desigual entre as estações, o que respalda a indisponibilidade hídrica como fator mais limitante para uso agrícola dos solos lá inseridos pois, além disso, propicia o surgimento de gradientes regionais e topográficos de pequena escala. A água, recurso natural essencial à manutenção da vida, ao desenvolvimento econômico e, por consequência, a qualidade de vida das populações humanas, tem se tornado um bem extremamente escasso, devido principalmente à sua má gestão. No Semiárido brasileiro, esse passivo é maximizado pelo fato de se concentrar uma grande população e por apresentar-se escassa naturalmente (ALVES; LIMA; FARIAS, 2012).

Pelo fato de algumas regiões ainda deterem remanescentes florestais, estes vêm sendo alvo de diversos estudos com visões ambientalistas e ecossistêmicas, como por exemplo: caracterização estrutural e diversidade florística (MOREIRA et al., 2019); avaliação do potencial de regeneração natural em ambientes alterados por ação antrópica (OLIVEIRA et al., 2019); banco de sementes em diferentes estágios de regeneração natural (FERREIRA et al., 2016); resiliência de solos (BHATTACHARYYA et al., 2016); efeito sazonal do uso da terra nas atividades enzimáticas do solo (SILVA et al., 2019); fixação biológica de nitrogênio (SILVA et al., 2017); influência da seca na diversidade filogenética bacteriana (TAKETANI et al., 2017); e diversidade microbiana de extremófilos em solos salinos (KHALILOVA et al., 2017). Todos com objetivos de ampliar os conhecimentos sobre o bioma e indicar formas para mitigar os impactos sobre o mesmo.

Alterações em atributos químicos, físicos e biológicos dos solos promovidas pelo manejo, por mudanças climáticas, e ampliadas por atividades antrópicas têm sido relatadas (VILLARINO et al., 2017; DIAS et al., 2019; SANTANA et al., 2019; WILLY et al., 2019).

Dentre elas, historicamente, a conversão de áreas nativas para uso agrícola se destaca pelo modo de ação, no qual adota-se corte raso da vegetação seguido de queima, visando a “limpeza” da área e, posterior implantação de pastagens e cultivos agrícolas de ciclos curtos. Este fato, vem reduzindo a resiliência do bioma, aumentando o quantitativo de áreas degradadas e limitando a eficiência do processo assimilatório e acumulador de carbono (SOUZA et al., 2019).

2.2 Solos do Semiárido Brasileiro

A atuação dos fatores de formação do solo resulta em desenvolvimento pedogenético diversificado, o que possibilita uma subdivisão do bioma Caatinga em duas fitofisionomias: caatinga hiperxerófila e a hipoxerófila; ambas condicionadas por razões climáticas, edáficas, topográficas e antrópicas (ALVES; ARAÚJO; NASCIMENTO, 2008).

De modo geral, as principais características dos solos na região Semiárida são: riqueza de minerais primários facilmente intemperizáveis, implicando serem solos eutróficos (alta saturação por bases), pedregosos, pouco desenvolvidos (em termos de profundidade), e baixa retenção de água, com raras exceções (ALVES; ARAÚJO; NASCIMENTO, 2008). Solos mais rasos apresentam uma vegetação mais tolerante às condições limitantes ao desenvolvimento, com baixos valores para atributos dendrométricos (estrutura vertical e horizontal menos desenvolvida) e bastante ramificada. Enquanto que em solos mais profundos, a floresta é mais expressiva, ou seja, mais desenvolvida (HORI; STUHLBERGER; SIMONETT, 2011).

Em termos percentuais, a estimativa mais atual da distribuição das ordens de solos no Semiárido foi obtida por Salcedo e Sampaio (2008), mostrando que 19% do território ocupado pela Caatinga é constituído de Latossolos, 19% de Neossolos Litólicos, 15% de Argissolos, 13% de Luvisolos, totalizando 66% da área total do bioma. No entanto, para os 34% não contabilizados por esses autores, Jacomine (2002) registrou a ocorrência de outras ordens, como, por exemplo, Planossolos, Cambissolos, Vertissolos, Nitossolos, Plintossolos e Chernossolos.

Solos de ocorrência na região semiárida apresentam grandes limitações para o uso agrícola, principalmente pelo pequeno aporte natural de matéria orgânica no sistema, pela escassez hídrica e à grande amplitude térmica diária. Deste modo, a supressão da vegetação primária, independente do uso alternativo do solo, implica em impactos negativos, como, por exemplo, o aumento da susceptibilidade à erosão (perda de solo) e o surgimento de outros processos que culminam em desertificação, os quais podem se tornar “irreversíveis” (SALCEDO; SAMPAIO, 2008; DALMOLIN; CATEN, 2012).

Outro quesito importante a se destacar é o alto nível de salinidade e, mais agravante ainda, a sodicidade nos solos. Abuelgasim e Ammad (2019) destacaram que a salinização representa grande ameaça ao bioma Caatinga, o que despertou uma preocupação mundial para as regiões áridas e semiáridas. Esse processo pode acarretar e acelerar processos degradativos do solo, como a dispersão de partículas e a erosão, tornando-os impróprios para os múltiplos usos.

A degradação das terras está intrinsecamente associada às atividades antrópicas, apresentando como principais contribuintes as práticas agrícolas inadequadas e a supressão da vegetação, causando redução significativa de ecossistemas e criando um grande passivo ambiental. Para Dalmolin e Caten (2012) e Yanagawa et al. (2016) a redução nas áreas de vegetação nativa sob o domínio da Caatinga está diretamente relacionada à pecuária e à agricultura itinerante, as quais desconsideram a resiliência do bioma, ou seja, a capacidade de suportar o impacto e de se recuperar biologicamente.

Reduções de áreas nativas podem ser corroboradas por estudos que utilizam técnicas de sensoriamento remoto, os quais de posse de uma série temporal de imagens de satélites e/ou fotografias aéreas, torna-se possível quantificar e classificar o uso e ocupação do solo (HARRIS et al., 2014; MENGISTU; WAKTOLA, 2014). Na maior parte destas pesquisas, as conclusões apontam para uma contínua desflorestação, como foi verificado por Barbosa et al. (2019) avaliando todo o bioma Caatinga da região Nordeste brasileira. O fato é que a Caatinga vem sendo categorizado, dentre os biomas brasileiros, como mais ameaçados devido ao desmatamento generalizado (UNFCCC, 2015).

2.3 Luvissolo

Luvisolos são solos rasos a pouco profundos com marcante incremento de argila nos horizontes subsuperficiais e que apresentam cores bastante vivas, derivadas de óxidos de Ferro. Em sua maioria são eutróficos, apresentam alta saturação por bases, conferindo boa fertilidade natural e reação moderadamente ácida a neutra. Geograficamente ocorrem em áreas com relevo plano e suave ondulado, podendo ainda ocorrer em relevos movimentados. Geologicamente, são oriundos de rochas cristalinas (biotita-gnaiss e biotita-xisto) e apresentam baixo índice de intemperismo, preservando quantidades significativas de minerais primários que constituem fonte de liberação de nutrientes. Porém, apesar das condições favoráveis à agricultura, são solos frequentemente pedregosos, à superfície e/ou internamente, e extremamente susceptíveis à

erosão. Devido à intensa conversão, significativas áreas de Luvisolos já foram totalmente alteradas ao ponto de não ser mais possível classificá-los taxonomicamente (SANTOS, 2017).

Esta ordem de solo ocupa 13% da região Semiárida do nordeste brasileiro (SALCEDO; SAMPAIO, 2008). Com base nesse percentual é possível calcular sua área de ocorrência natural, que seria de aproximadamente 127.733,229 km², um montante superior ao somatório das unidades territoriais dos estados de Pernambuco (98.068,021 km²) e Alagoas (27.843,295 km²). Dados recentes da NASA demonstraram que mais de 66% do território brasileiro é protegido e preservado em termos de vegetação nativa, sendo apontado apenas 7,6% das terras como cultivadas (BRASIL, 2017d). No entanto, se nesse quantitativo fossem contabilizadas áreas degradadas por práticas agrícolas este percentual seria muito maior.

Os estudos de Duarte et al. (2014), utilizando técnicas de processamento digital de imagens de composições multiespectrais e com auxílio do classificador Bhattacharya, mostraram que os solos do Semiárido paraibano encontram-se degradados em diferentes níveis, variando entre moderado a muito severo. Além disso, foi constatado que 85% dos Luvisolos do Semiárido paraibano estão gravemente comprometidos pelo processo da desertificação. Se fosse possível extrapolar os dados obtidos pelos autores para todo o Brasil, observaríamos um montante de 107.139,6287 Km² de Luvisolos desertificados. O fato é que suas características favoráveis à agricultura os tornam visados para uso alternativo, o que reduz áreas naturalmente ocupadas pelo bioma Caatinga.

2.4 Desertificação

Regiões semiáridas são mais propensas a grandes passivos ambientais, quer associados à conversão de áreas nativas ou manejo inadequado do solo e dos recursos hídricos, quer pela mudança climática global que amplia os limites geográficos da aridez, podendo acarretar em desertificação (OLIVEIRA et al., 2012; LANFREDI et al., 2015).

De acordo com o Ministério do Meio Ambiente (BRASIL, 2019), a desertificação é definida como a degradação ambiental, social e econômica, particularmente nas zonas áridas, semiáridas e sub-úmidas secas, resultantes de vários fatores e vetores, incluindo as variações climáticas e as atividades humanas. Os principais vetores destacados para a desertificação incluem o uso indiscriminado de recursos florestais (conversão de áreas e demanda energética), pecuária extensiva, a gestão inadequada da agricultura, destacando-se projetos de irrigação sem critérios ambientais (podendo causar salinização), extração mineral sem critérios socioambientais, a indústria e, não menos importante, a urbanização (MEA, 2005).

Dados referentes à desertificação sempre corroboram a gravidade do problema. Para Tavares, Arruda e Silva (2019), a desertificação constitui um dos maiores problemas do planeta, afetando direta ou indiretamente mais de 250 milhões de pessoas. Vilar e Medeiros (2019), classificando em níveis de susceptibilidade a desertificação na Zona da Mata do estado de Pernambuco, registraram índices alto e muito alto. Além disso, o índice de aridez não exercia grande influência na determinação da ocorrência de áreas desertificadas, demonstrando que possivelmente a ação antrópica é um dos fatores mais importantes no processo (VILAR; MEDEIROS, 2019).

Segundo o Instituto Nacional do Semiárido, o Brasil detém seis Núcleos de Desertificação, sendo três no estado do Ceará (Inhamus, Irauçuba e Jaguaribe), um no Piauí (Gilbués), um compreendendo os estados da Paraíba e Rio Grande do Norte (Seridó) e um em Pernambuco (Cabrobó), englobando ao total 59 municípios (INSA, 2017). Esses núcleos apresentam grandes áreas de solo exposto, com presença ou não de cobertura vegetal rasteira, nos quais é perceptível diferentes estágios de erosão do solo. Entretanto, cabe destacar que existem outros locais sob as mesmas condições de degradação que ainda não foram reconhecidos como tal (PEREZ-MARIN et al., 2012).

Núcleos de Desertificação representam fielmente a inadequação das práticas de manejo, em um bioma ecologicamente frágil. Como consequências, observa-se o declínio da qualidade ambiental, podendo ser avaliadas em âmbito local, regional e global. Este declínio pode ser observado em processos migratórios intrarregionais, perda de biodiversidade, perda de território produtivo do país e elevação do risco social e, finalmente, aspectos negativos referentes ao clima do planeta, com a elevação da temperatura, interferências em processos biogeoquímicos, particularmente, na ciclagem da água e do carbono (PEREZ-MARIN et al., 2012). Nesses ambientes, a cobertura vegetal é um bioindicador de degradação bastante utilizado, pois qualquer alteração nos fluxos de matéria e energia dentro do sistema, acarreta influências sob a mesma, associando-se comumente à perda de biodiversidade (SOUSA et al., 2016).

No Núcleo de Desertificação de Cabrobó em Pernambuco, por exemplo, o levantamento florístico demonstrou a ocorrência de apenas 23 espécies e 12 famílias botânicas, caracterizando a vegetação em arbustiva aberta e degradada (SOUSA et al., 2016). Levantamentos exploratórios como este são essenciais, pois permitem o conhecimento do bioma na condição pretérita à degradação, auxiliando em possíveis intervenções com vistas à recuperação. Entretanto, não se observa no Brasil um monitoramento sistêmico e contínuo, sendo encontrado apenas estudos pontuais.

Áreas afetadas por processos de desertificação têm despertado a atenção dos mais diversos ramos da ciência em âmbito internacional, a qual vem buscando compreender por meio de indicadores de qualidade ambiental quais mecanismos regem tal degradação e quais os seus possíveis impactos. Contudo, embora a discussão sobre desertificação exista desde a década de 70 ainda não existe um consenso sobre o assunto (SOARES; NÓBREGA; MOTA-FILHO, 2017).

Na microbiologia, por exemplo, muitos esforços estão sendo destinados para a compreensão de processos e funções ecológicas em ambientes de baixa umidade e, isto permite avançar significativamente em diversos focos, como por exemplo: isolamento e caracterização de micro-organismos, principalmente, bactérias diazotróficas, com intuito de identificar micro-organismos com potencial para uso como inoculantes (NUNES et al., 2018); mecanismos de resistência ao déficit hídrico e funções de promoção de crescimento de plantas (GALAVIZ et al., 2018) e, alguns mais recentes envolvendo a aplicação de técnicas moleculares para acessar dados mais fidedignos em termos de diversidade (LI et al., 2018), uma vez que métodos clássicos, dependentes de cultivo, revelam somente uma pequena parte da real diversidade microbiana (ZINGER et al., 2007).

2.5 Estoque de C e N

A modelagem e mapeamento mais atual dos estoques de carbono (C) orgânico do solo no Brasil foi executada por Gomes et al. (2019). Eles estimaram um montante de 71,3 PgC nos primeiros 100 cm dos solos, e que aproximadamente 31% desse montante está em áreas protegidas, ou seja, não sujeitas às pressões antrópicas e, por consequência, a perdas. Os autores ainda destacaram que dentre as ordens de solos, os Luvisolos apresentaram menor densidade de C orgânico ($6,45 \text{ kg m}^{-2}$).

No que tange ao semiárido, sabe-se que a conversão de áreas nativas de caatinga densa para agricultura reduzem significativamente o estoque de C orgânico no solo. Estimativa realizada por Santana et al. (2019) contemplando quatro ordens de solos na porção oeste de Pernambuco (Semiárido pernambucano), contabilizou perda de 25% do C, mas para o nitrogênio (N) não foram observadas diferenças significativas entres os usos da terra, indicando que a conversão implica em maiores perdas para C. Schulz et al. (2016), avaliando solos de ecossistemas florestais da Caatinga no Brasil, também observaram redução significativa dos estoques de C nos 5 cm superiores do solo, para áreas de pastagens.

O estoque de C e a atividade microbiana de solos de floresta de Caatinga seca, submetidas ao corte raso, com e sem queima, foram fortemente influenciados pelos tempos de corte da floresta, refletindo em perdas significativas de C associadas ao manejo (ARAÚJO-FILHO et al., 2018). Os autores discutem que a recuperação do estoque é bastante lenta após o distúrbio, isso porque o tempo médio para permitir que esses solos reconstruam estoques significativos de C é estimado em aproximadamente 65 anos.

O fato é que poucos trabalhos avaliaram estoques de C nos horizontes de solo classificados em campo, sendo comum coletas em camadas superficiais, não ultrapassando 40 cm de profundidade. Embora comumente seja esperada uma redução dos estoques de C e N com o aumento da profundidade do solo (abaixo de 40 cm), não se sabe ao certo como os horizontes podem favorecer de algum modo um maior acúmulo desses elementos. Segundo Santana et al. (2019), os estoques de C e N na porção oeste de Pernambuco é 0,20 Pg de C e 0,019 Pg de N, representando 2% do estoque de C estimado para a região Semiárida brasileira. Os autores atribuíram o baixo percentual como consequência da maior proporção de áreas agrícolas e da pequena profundidade de algumas classes de solo no oeste de Pernambuco.

Além disso, limitações impostas pelos procedimentos de amostragem atuais foram destacados por Wade et al. (2019). Para amostrar C do solo visando estimativa ecossistêmica, deve-se também realizar coletas subsuperficiais evitando uma subestimativa dos resultados. Foi demonstrado recentemente que a coleta até 30 cm a partir da superfície subestimaria o C do solo em 60% e o C do ecossistema em 30% (WADE et al., 2019).

Alguns trabalhos foram desenvolvidas com esse foco, podendo citar, por exemplo, Neves (2018) que obteve valores da relação C:N para cada horizonte pedogenético, comparando área vegetada com outra sem vegetação. Os resultados mostram que os horizontes da área com vegetação apresentaram relação C:N superior a 10 e crescente com a profundidade, ou seja, existe um acúmulo em subsuperfície, o qual seria subestimado se a coleta fosse realizada por camadas, as quais normalmente não ultrapassam 40 cm de profundidade. Na área desertificada, sem a presença do componente vegetal, a relação apresenta-se menor, e decrescente com a profundidade, o que possivelmente seria justificado pelo consumo do estoque de C, sem reposição. Por fim, o autor ainda destaca que a relação C:N caiu pela metade na área sem a cobertura vegetal.

2.6 Indicadores Microbiológicos de qualidade de solos

Micro-organismos e atividades enzimáticas são eficientes indicadores biológicos de qualidade do solo, pois são capazes de revelar mudanças biológicas e bioquímicas causadas por fatores antrópicos e ambientais precocemente, respondendo rapidamente a diferentes tipos de estresses (GIANFREDA; RAO, 2019).

Os principais indicadores microbiológicos de qualidade de solo usados em diferentes situações são: C, N e P na biomassa microbiana do solo; respiração microbiana do solo; quociente microbiano; quociente metabólico; trifosfato de adenosina (ATP); perfil de ácidos graxos; atividade enzimática do solo, como amilase, celulase, urease, arilsulfatase, fosfatase, desidrogenase, β -glicosidade e protease; e, fixação biológica de nitrogênio. Estes indicadores podem ser utilizados para avaliar os processos relacionados a ciclagem de nutrientes e produção de substâncias estimuladoras ao crescimento vegetal e, por fim, auxiliar no entendimento da contribuição destes organismos para os serviços ecossistêmicos (SOBUCKI et al., 2019).

A comunidade microbiana desempenha papel fundamental na ciclagem dos nutrientes e degradação de componentes orgânicos, por vezes, competindo com as plantas por nutrientes. Assim sendo, a biomassa microbiana do solo é um proxy da atividade dos micro-organismos no solo. Um estudo de metanálise a partir de 45 trabalhos demonstrou que o C e N presentes na biomassa microbiana do solo aumentaram significativamente com a recomposição florestal, principalmente nos anos iniciais ao povoamento (ZHAO et al., 2019). Com a descoberta, os autores alcançaram amplo entendimento sobre abundância e atividades de comunidades microbianas frente ao florestamento. Ambientes naturais, florestados, tendem a manter um equilíbrio entre comunidades microbianas e disponibilidade de nutrientes. Em contraponto, a abundância de comunidades microbianas do solo não se correlacionou com o índice de aridez, indicando uma sensibilidade de resposta ao aumento da precipitação maior para áreas áridas, em relação às áreas úmidas (ZHAO et al., 2019).

A respiração basal do solo é definida como um processo biológico no qual os micro-organismos convertem C orgânico em gás carbônico atmosférico por via aeróbia. Considerado um dos maiores fluxos globais de C, este processo é sensivelmente afetado pelas propriedades físicas, químicas e biológicas do solo, pelos diferentes sistemas de uso da terra, e, por consequência, pela tipologia vegetal, assim como pelo clima (EBRAHIMI et al., 2019). A respiração basal do solo é um dos indicadores mais utilizados e pode ser mensurada em dois estados: respiração basal e respiração induzida por substrato, sendo ambas representativas da atividade microbiana do solo (EBRAHIMI et al., 2019).

Em geral, estudos que contemplam a respiração do solo avaliam comparativamente ambientes distintos. Hu et al. (2019) avaliaram os efeitos do aquecimento global e redução da precipitação na respiração do solo de sistemas de cultivo de trigo e soja. Medeiros et al. (2018) estabeleceram uma relação benéfica da substituição de canaviais por povoamentos florestais de eucalipto por meio de atributos microbiológicos. Tyagi et al. (2019) provaram que tanto o carbono orgânico do solo como a biomassa microbiana são sensíveis ao manejo do solo e variam entre macro e microagregados.

Exigências metabólicas e disponibilidade de nutrientes regem a atividade enzimática no ecossistema solo, e também são bons bioindicadores de qualidade. A capacidade de resistir aos distúrbios ou sucessão, mantendo a diversidade funcional dos processos críticos do solo, possivelmente, é outro fator importante, talvez até mais do que a diversidade taxonômica (CALDWELL, 2005).

Segundo Anderson e Domsch (1993), os quocientes, metabólico e microbiano, também são eficientes indicadores de qualidade ambiental, uma vez que respondem prontamente aos distúrbios, indicando estresse. O primeiro é obtido a partir da razão entre CO_2 liberado na respiração basal e a estimativa de C na biomassa microbiana (quociente metabólico - $q\text{CO}_2$) e, o segundo, a partir da razão: $\text{C-BMS}/\text{C orgânico total}$ (quociente microbiano - $q\text{Mic}$).

Enzimas são caracterizadas como um complexo composto de atividades, associadas à componentes bióticos e abióticos, como por exemplo, células proliferativas, células latentes, restos celulares, colóides inorgânicos e orgânicos e a solução do solo (BURNS, 1982). A atividade de uma enzima ou um conjunto delas é reflexo de funções microbianas, uma vez que quando liberadas no meio extracelular afetam as transformações de nutrientes, especialmente a ciclagem de C, N, P e S (SIMPSON et al., 2019). As enzimas são classificadas de acordo com o modo de ação, em hidrolíticas e oxidativas. Como exemplos, destacam-se a fosfatase alcalina, fosfatase ácida, arilsulfatase, uréase, β -glucosidase, α -glucosidase, N-acetil-glucosaminidase, cellobiosidase, xylosidase, fenol oxidase e peroxidase, como enzimas comumente avaliadas.

Estudos sobre atividade enzimática nos solos vêm sendo desenvolvidos com os mais diversos objetivos, contudo, sempre comparando diferentes ecossistemas, tipos de solo, manejos agrícolas e florestais, condições climáticas, ou distúrbios ambientais e antrópicos. Raiesi e Beheshti (2015), por exemplo, buscaram entender quais alterações eram promovidas pela conversão de florestas nativas em terras agrícolas. Hendriksen et al. (2016) avaliaram a influência do clima, do uso da terra e das propriedades do solo sobre atividades enzimáticas. Medeiros et al. (2014) determinaram a atividade absoluta e específica, e ainda compararam a atividade de enzimas em floresta tropical seca, monocultivo e consórcio. Schimel, Becerra e

Blankinship (2017) avaliaram comparativamente o tempo no qual as enzimas permanecem ativas em cinco diferentes solos. Acosta-Martinez, Cano e Johnson (2018) determinaram simultaneamente múltiplas atividades enzimáticas para que servisse como base para índices biogeoquímicos de saúde do solo. E Silva et al. (2019) avaliaram a influência da sazonalidade no uso da terra.

Adhikari e Pandey (2019) apontam que pesquisas recentes têm avançado na compreensão da solubilização de fosfato inorgânico, por micro-organismos, caracterizando esse processo como um mecanismo-chave envolvido no crescimento de plantas. Assim como a capacidade de mineralização do P orgânico por distintos micro-organismos pode ser avaliada por meio da quantificação da atividade da enzima fosfatase ácida e/ou alcalina. Fungos e bactérias são capazes de desempenhar tal função. Tandon et al. (2019) avaliaram a mineralização de fosfato (fosfatase alcalina) por 33 isolados fúngicos sob condições de estresse abiótico (alcalino e seco). Foi verificado que os mecanismos alternativos para a mineralização de P sob estresse estavam sujeitos a indução seletiva pelas condições ambientais. Além disso, eram necessários um detalhamento maior (bioquímico e molecular) para entender quais condições ambientais controlavam essa indução.

Em relação à ciclagem do N, a atividade da urease tem sido investigada em solos sob sistemas agrícolas e florestais. Urease é uma enzima capaz de hidrolisar a ureia em dióxido de carbono, amônia e água. E por ser a volatilização da amônia uma das maiores perdas de nitrogênio (N) no sistema solo, o estudo desta enzima torna-se de suma importância. Em adição, destaca-se que o conhecimento sobre inibidores da urease, naturais e sintéticos, tem evoluído, os quais visam reduzir perdas de N em solos manejados e uma produção mais sustentável (MEDEIROS et al., 2014; BARBERENA et al., 2019).

Outro indicador microbiológico adotado em muitos estudos é a presença de glomalina em solos. Glomalina é uma glicoproteína produzida por fungos micorrízicos arbusculares (FMAs), pertencentes ao filo Glomeromycota. Seu potencial para armazenamento de C orgânico, a melhoria na estruturação de agregados, o aumento na resistência de plantas e redução de toxicidade por metais estão listados como principais serviços ecossistêmicos da glomalina (GAO; WANG; WU, 2019).

A produção da glomalina pelos FMAs é sensível a diferentes estágios de sucessão. Por exemplo, no Parque Estadual da Mata Seca em Manga (MG), um estágio de sucessão inicial e uma pastagem favoreceram a produção de propágulos de FMAs, assim como a riqueza, diversidade e produção de glomalina de igual forma ou superior aos estágios intermediário e tardio de sucessão (SANTOS et al., 2018). Em diferentes estágios sucessionais de Caatinga no

Semiárido Paraibano (inicial - regeneração natural até 15 anos; intermediário – 15 a 35 anos; tardio - acima de 50 anos, sem distúrbios antrópicos severos) foi observado que a concentração de glomalina facilmente extraível e glomalina total foi de aproximadamente o dobro dos registrados por Bird et al. (2002) para condições também semiáridas (SOUSA et al., 2014). E se existe relação entre os teores de glomalina em solos da Caatinga (semiárido) e os níveis de desertificação não se sabe, mas glomalina pode ser um fator importante na resiliência do bioma frente às condições adversas da degradação.

2.7 Diversidade microbiana

Muitos dos esforços estão sendo destinados para a compreensão de processos e funções ecológicas em ambientes de baixa umidade e, isto permite avançar significativamente em diversos focos, como por exemplo: isolamento e caracterização de micro-organismos, principalmente, bactérias associadas ao ciclo do N, com intuito de identificar potenciais inoculantes (NUNES et al., 2018); mecanismos de resistência ao déficit hídrico e funções de promoção de crescimento de plantas (GALAVIZ et al., 2018) e, alguns mais recentes envolvendo a aplicação de técnicas moleculares para acessar dados mais fidedignos em termos de diversidade (LI et al., 2018), uma vez que métodos clássicos, dependentes de cultivo, são demorados e exibem um pequeno percentual da real diversidade microbiana (ZINGER et al., 2007).

A diversidade e a dinâmica de populações microbianas têm sido estudadas em vários tipos de solo sob diferentes condições ambientais (HU et al., 2019). No entanto, a diversidade e a estrutura das comunidades microbianas no bioma Caatinga, bem como os principais fatores que afetam a estruturação dessas comunidades são pouco conhecidas. A avaliação de mecanismos de tolerância, quantificação e qualificação da atividade microbiana e enzimática, e a predição de possíveis sucessões ecológicas (mediadas pelo bioclima) continuam sendo grandes desafios para a ciência. Isso ocorre porque no próprio ambiente existem limitações. Logo, as comunidades microbianas presentes no solo já estão expostas à seca, levando a ideia que alguns táxons evolutivamente adaptaram-se morfofisiologicamente para assegurar sua perpetuidade, além da sazonalidade climática que também promove seleção (favorecimento) temporal.

Quando ocorre alteração das condições ambientais, imediatamente ocorre uma reestruturação na diversidade e abundância de populações microbianas no solo (SANTANA et al., 2017), o que permite acreditar que a sazonalidade climática promove seleção temporal de

populações microbianas específicas no solo. Contudo, Preece et al. (2019) avaliaram o efeito do estresse hídrico na composição e diversidade de comunidades bacterianas e fúngicas do solo, além de investigar o efeito de uma seca de longo prazo. Foi observado que a seca experimental alterou a abundância relativa de táxons específicos de bactérias e fungos, afetando muito mais a comunidade bacteriana que a fúngica, diminuindo a diversidade alfa, enquanto para fungos tendeu a aumentar. Os autores constataram que grandes variações nos táxons só ocorriam por meio de eventos extremos (PREECE et al., 2019).

Avanços tecnológicos viabilizaram o sequenciamento de alto rendimento do DNA e do RNA nas mais diversas amostras ambientais, como o solo, com custos decrescentes ao longo do tempo e permitindo a reconstrução dos 'genomas da população microbiana' a partir do DNA do solo (PROSSER, 2015). De fato, a adoção de técnicas moleculares favoreceu a caracterização e quantificação da diversidade microbiana em solos, contudo, algumas lacunas ainda permeiam na Microbiologia. Por exemplo, a dinâmica microbiana, suas relações ambientais, e principalmente, os serviços ecossistêmicos em função do necessário reducionismo científico (NESME et al., 2016). Uma compreensão que se faz necessária para assegurar a dinâmica ecossistêmica e o manejo sustentável do solo (PYRLO et al., 2014).

Por possuir regiões hipervariáveis entre regiões altamente conservadas, possibilitando discriminar até mesmo espécies, o gene do 16S rRNA tem sido usado em muitos estudos para caracterizar as comunidades de bactérias do solo. Por conter nove “regiões hipervariáveis” (V1 a V9), incluem considerável diversidade de sequências entre diferentes bactérias. Contudo, nenhuma região isolada pode acessar todas as bactérias; portanto, para obtenção de diagnósticos mais amplos como estudos ecossistêmicos, deve-se utilizar mais de um conjunto de *primers*, ou seja, mais de uma região variável (PATWARDHAN; RAY; ROY, 2014). A maioria dos estudos moleculares de bactérias utilizam a região V1-V3. Avaliando comparativamente a estrutura de comunidades bacterianas como indicadores da qualidade do solo entre plantios florestais de pinus e araucária, Canei et al. (2018) perceberam que o reflorestamento com a araucária representa uma melhor alternativa para a manutenção dos atributos microbiológicos do solo, sendo observadas pequenas diferenças na estrutura entre os locais.

Barros et al. (2018) buscaram compreender como um sistema silvipastoril poderia influenciar a comunidade de bactérias totais (gene do 16S rRNA), fixadoras de N (*nifH*) e amônio oxidantes (*amoB*) do solo. A avaliação das comunidades microbianas por eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE) de fragmentos dos genes 16S rRNA amplificados por reação em cadeia da polimerase (PCR) a partir de DNA total do solo, mais a reação em cadeia da polimerase em tempo real (qPCR) possibilitou inferir que, a introdução de

leguminosas arbóreas ao sistema de pastagens promoveu melhoria na qualidade biológica do solo, favorecendo as comunidades bacterianas ligadas ao ciclo do N.

Para avaliar a comunidade de fungos totais, destaca-se a utilização da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*), a qual distingue os genes 18S rRNA e rRNA 28S, sendo o 18S rRNA bastante utilizado como marcador molecular. Essa região, altamente conservada, pode ser acessada (amplificada) por conjunto de *primers* específicos, possibilitando a distinção ao nível específico (FUNGARO, 2000). A capacidade de avaliar a diversidade fúngica em DNA metagenômico do solo foi testada quanto à sua especificidade em relação ao DNA fúngico por meio de quatro pares de iniciadores. Ao agrupar as sequências em unidades taxonômicas operacionais (OTU) com 99% de similaridade, foi alcançada boa cobertura de diversidade (ANDERSON; CAMPBELL; PROSSER, 2003). Em adição, Borneman e Hartin (2000) revelaram que a identificação de micro-organismos baseada no DNA do solo fornece descrição diferente da comunidade fúngica daquela gerada por uma análise baseada em cultivo.

Cregger et al. (2012) buscando compreender como a sazonalidade climática e a composição de plantas moldavam as comunidades microbianas do solo sob ecossistema semiárido no Refúgio Nacional de Vida Silvestre de Sevilleta, no Novo México, perceberam que a variabilidade sazonal na precipitação tinha papel determinante na composição das comunidades microbianas do solo, distinguindo-as composicionalmente entre o período seco e chuvoso. A abundância de fungos durante a estação seca era menor, sugerindo que os fungos do solo eram limitados principalmente pela água e, que isso resultaria em uma diminuição na atividade fúngica durante o período. Além disso, descobriram que a previsão de resposta das comunidades microbianas às mudanças climáticas era altamente dependente da dinâmica sazonal e da composição vegetal acima do solo.

Micro-organismos associados ao ciclo do solo N estão sendo extensivamente investigados utilizando métodos de marcadores moleculares nos mais diversos ambientes e manejos (ALTSHULER et al., 2019; PÉREZ-BRANDAN et al., 2019; HUANG et al., 2019; MENG et al., 2019). Para a fixação biológica de nitrogênio (FBN), o gene funcional *nifH* tem sido escolhido para estudar micro-organismos diazotróficos com sequenciamento de alto rendimento nas mais diversas condições ambientais. Assim como, o gene funcional *amoA* (AOB) para determinação da comunidade de bactérias amônio oxidantes.

Áreas nas quais foram proibidas o pastejo, destinadas à recuperação, na região semiárida do Platô de Loess na China, foram investigadas quanto ao impacto dessa medida na ciclagem de nitrogênio no solo, detalhando até 60 cm de profundidade do solo visando assegurar a acumulação de nutrientes em subsuperfície. Observou-se que a abundância dos genes *nifH* e

amoA (AOB) foi maior após 25 anos de proibição e que esta diminuía em função da profundidade do solo, não apresentando diferença com a área de 35 anos de proibição (SONG et al., 2019).

Keshri et al. (2015) identificaram maior abundância do gene *amoA* em relação ao *nifH* em solos salinos, alcalinos e sódicos na zona semiárida da costa oeste da Índia, sugerindo que as bactérias atuavam mais na oxidação da amônia do que a fixação de N para aquelas condições. Grande destaque foi dado ao elevado número de novas unidades taxonômicas operacionais que foram observadas, constituindo um reservatório único de bactérias ainda não identificadas.

É reconhecido que o pH do solo exerce forte influência nas variações espaço-temporais de comunidades microbianas do solo (DELGADO-BAQUERIZO et al., 2018) e devido à sua capacidade de moldar diversas reações químicas, incluindo disponibilidade de nutrientes (PEN; CAMBERATO, 2019), o gene funcional *phoD* vem sendo utilizado como marcador molecular para avaliar a mineralização do P. Ragot et al. (2017) destacaram que micro-organismos detentores desse gene são capazes de produzir fosfatase, enzima que atua a conversão de fósforo orgânico a ortofosfatos, ou seja, biodisponibilização, estando a expressão desse gene demonstrada tanto em organismos procariotos quanto eucariotos.

Fraser et al. (2015) examinaram como o manejo (orgânico e convencional) a longo prazo poderia influenciar a biodisponibilidade de P, a atividade da fosfatase alcalina e, a abundância e diversidade do gene *phoD* em solos do norte das Grandes Planícies do Canadá. Observaram que o sistema de manejo influenciava a disponibilidade de P, mas não o P total, sugerindo que a atividade de fosfatase alcalina acendia quando em baixas concentrações de P disponível.

Acessando bancos de dados de genoma e metagenoma, uma abordagem ampla foi utilizada para avaliar a distribuição taxonômica e ambiental do gene *phoD* em bactérias com um novo conjunto de *primers*. Partindo-se de 6 (seis) solos, coletados em dois continentes, implicando em condições edafoclimáticas distintas, foi observado que a fosfatase alcalina (*phoD*) com grande abundância nos solos permeava por 20 filos bacterianos, comprovando a eficiência dos novos *primers* para estudar a esse tipo de fosfatase em amostras ambientais e apontando as limitações em termos de diversidade dos propostos por Sakurai et al. (2008) (RAGOT; KERTESZ; BÜNEMANN, 2015).

Contudo, ainda existem poucos trabalhos que se propuseram a realizar uma investigação mais detalhada do perfil do solo, normalmente limitados até os primeiros 40 cm de profundidade. Trabalhos mais abrangentes estão sendo desenvolvidos, como por exemplo, Neves (2018), que avaliou a abundância e diversidade microbiana em horizontes de Planossolos inseridos no Núcleo de Desertificação de Cabrobó – PE. Foi observado que cada horizonte

assegurava comunidades distintas, porém com alguma sobreposição quando sob vegetação e quando sob desertificação, as comunidades se diferenciavam por horizonte. Sendo hipotetizado que a diferenciação registrada fora induzida pela profundidade e pelas condições específicas de cada horizonte dos Planossolos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Área de estudo e coleta de amostras

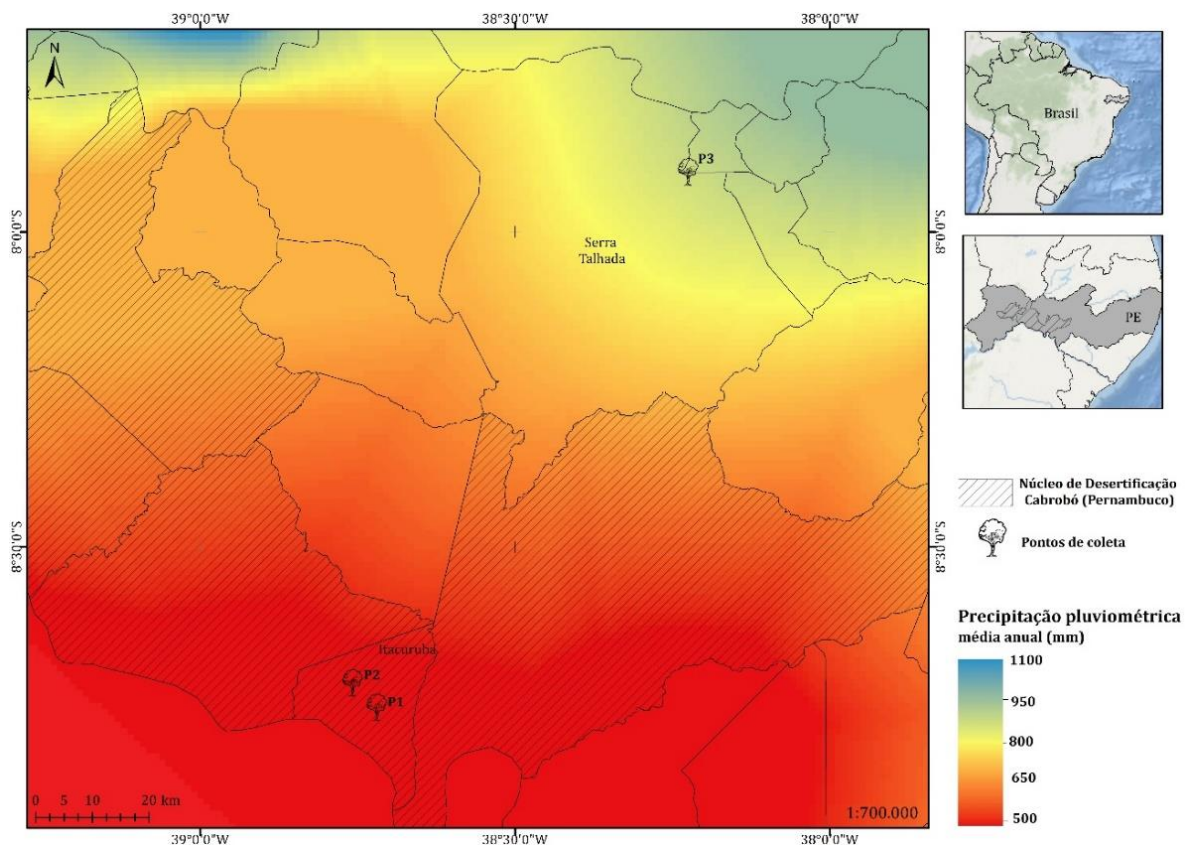
A partir de uma análise prévia dos mapas geológicos e recursos minerais (GOMES et al., 2001) e de solo (JACOMINE, 1973) do estado de Pernambuco e de visita exploratória em campo, três áreas foram escolhidas para o estudo, de acordo com os níveis de desertificação sob vegetação nativa do bioma Caatinga, visando anular influências antrópicas (Figura 2). Em Itacuruba, município inserido no Núcleo de Desertificação de Cabrobó, foram escolhidas duas áreas, P1 e P2, apresentando similaridade em todos os fatores de formação do solo. A terceira área, P3, está situada no município de Serra Talhada - PE, fora do núcleo, variando dentre os fatores apenas com um pequeno gradiente de precipitação, e foi utilizada como área de referência para o estudo microbiológico de Luvissolos no bioma (Figura 3).

Figura 2 – Paisagens das áreas de estudo: Itacuruba-PE desertificado (P1); Itacuruba-PE em desertificação (P2) e Serra Talhada-PE referência (P3)



Os três solos foram descritos morfologicamente de acordo com Santos et al. (2015) e identificados no Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (EMBRAPA, 2018) como Luvissolo crômicos, oriundos de embasamento cristalino metamórfico máfico, alcançando mesmo material de origem (anfíbolitos), e com relevo suave ondulado.

Figura 3 - Localização das áreas de estudo com ênfase na precipitação pluviométrica média anual: Itacuruba (P1 e P2) e Serra Talhada (P3), Pernambuco, Brasil



O município de Itacuruba está localizado na mesorregião do Sertão do São Francisco de Pernambuco, na microrregião de Itaparica (Rio Pajeú) e, inserido na unidade geoambiental da Depressão Sertaneja, na Província Borborema, ao sul do lineamento Pernambuco. O clima é Tropical Semiárido (BSh), segundo a classificação de Köppen. Temperatura média anual de 27° C, e com precipitação média anual de 430 mm, chuvas de verão.

A vegetação característica do município é a caatinga, com vegetação xerófila e/ou hiperxerófila, em sua maioria caducifólia, de coloração cinza-calcinada na maior parte do ano (período seco), mas com capacidade de tornar-se exuberantemente verde nos poucos meses chuvosos (AB'SABER, 1985). Neste estão inseridos os Perfis 1 e 2. P1 apresenta horizontes na sequência A-Bt-C-Cr. Por não existir nenhum extrato vegetacional e apresentar grande área de solo exposto, o perfil foi classificado como desertificado. P2 apresenta horizontes na sequência A-Bt-C-Cr1-Cr2. Trata-se de uma área em processo de desertificação, apresentando componente arbóreo e arbustivo com baixos atributos dendrométricos, sendo notória a existência de clareiras, nas quais o solo permanece desnudo.

O município de Serra Talhada está localizado na microrregião do Pajeú, inserido na unidade geoambiental da Depressão Sertaneja, na Província Borborema, ao norte do estado. O clima é Tropical Semiárido (BSh), segundo a classificação de Köppen, com médias anuais de temperatura e precipitação de 23,8° C e 579,3 mm, respectivamente. Foi escolhida como área de referência deste estudo, uma vez que, detém remanescente secundário em estágio médio a avançando de regeneração, ou seja, caatinga preservada há algumas décadas (Figura 4).

Figura 4 - Paisagem de Caatinga na área de referência, Serra Talhada (PE)



As coletas se deram, para os três perfis, por horizontes diagnósticos registrados em campo, em triplicada. Descrição e detalhes dos perfis podem ser visualizadas na Tabela 1 e nas Figuras 5, 6 e 7. Amostras deformadas foram coletadas, acondicionadas em gelo e depois refrigeradas até o momento das análises microbiológicas, enzimáticas e moleculares. Amostras deformadas e não deformadas também foram retiradas para caracterização química e física do solo. A caracterização física e química dos perfis P2 e P3 foi disponibilizada por Silva (2018), dissertação desenvolvida com coleta realizada nos mesmos locais e no mesmo dia, durante a estação seca. Por limitação de recurso, as camadas Cr foram desconsideradas nas análises microbiológicas.

Tabela 1 – Características dos horizontes e suas respectivas profundidades de perfis de Luvissole sob diferentes níveis de desertificação

ITACURUBA Desertificado – P1		ITACURUBA Em desertificação – P2		SERRA TALHADA Referência – P3	
Horizonte	Prof. (cm)	Horizonte	Prof. (cm)	Horizonte	Prof. (cm)
A	0 - 8	A	0 - 9	A	0 - 12
Bt	8 - 30	Bt	9 - 40	BA	12 - 25
C	30 - 42	C	40 - 53	Bt	25 - 48
Cr	42 - 75+	Cr1	53 - 66	BC	48 a 70
		Cr2	66 - 80+	Cr	70 - 120+

Figura 5 - Perfil de Luvissole crômico sob Caatinga no município de Itacuruba (PE), classificado como desertificado (P1). Foto: Valdomiro Souza-Júnior (2018)

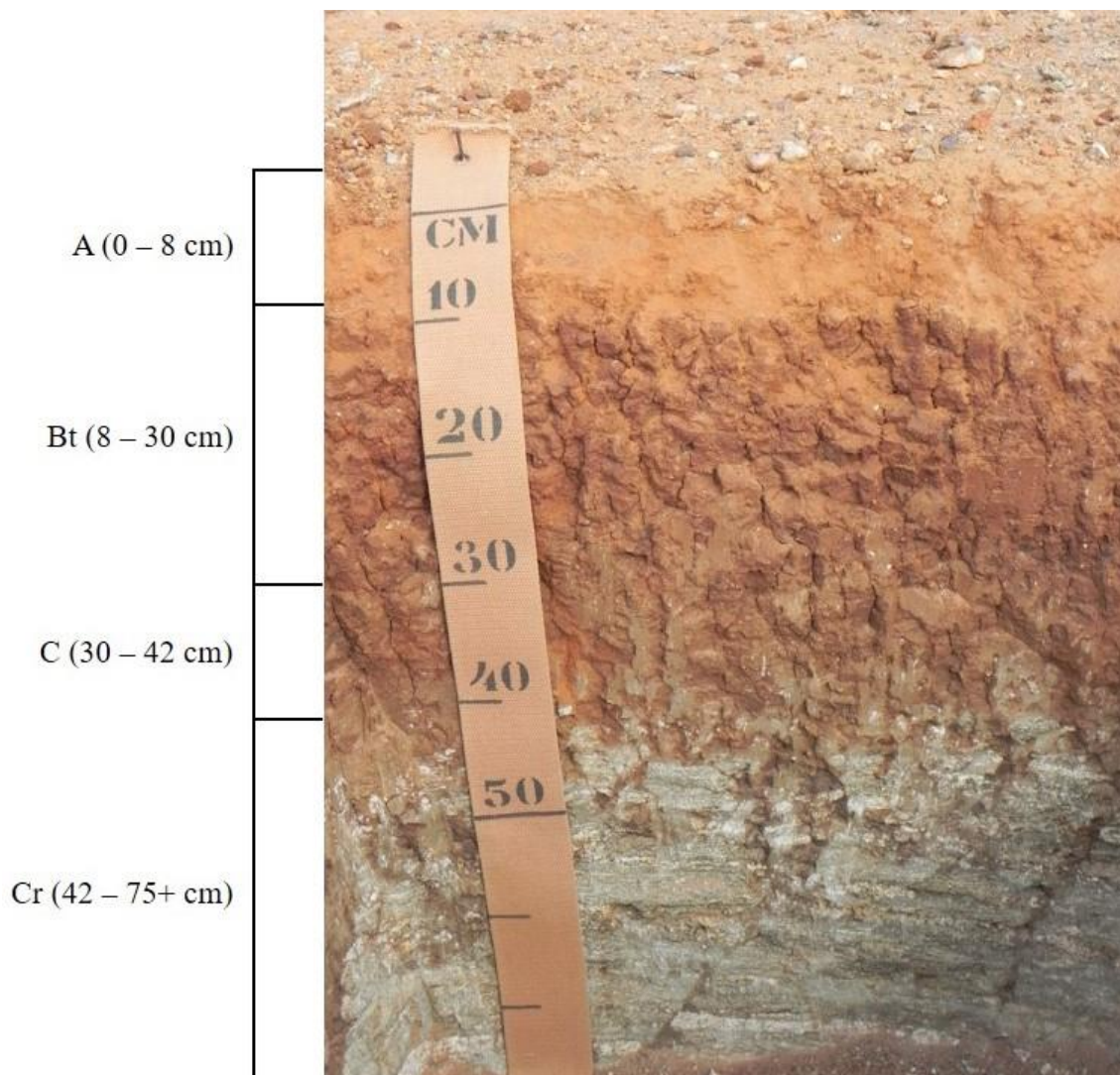


Figura 6 - Perfil de Luvissole crômico sob Caatinga no município de Itacuruba (PE), classificado como em desertificação (P2). Foto: Silva (2018)

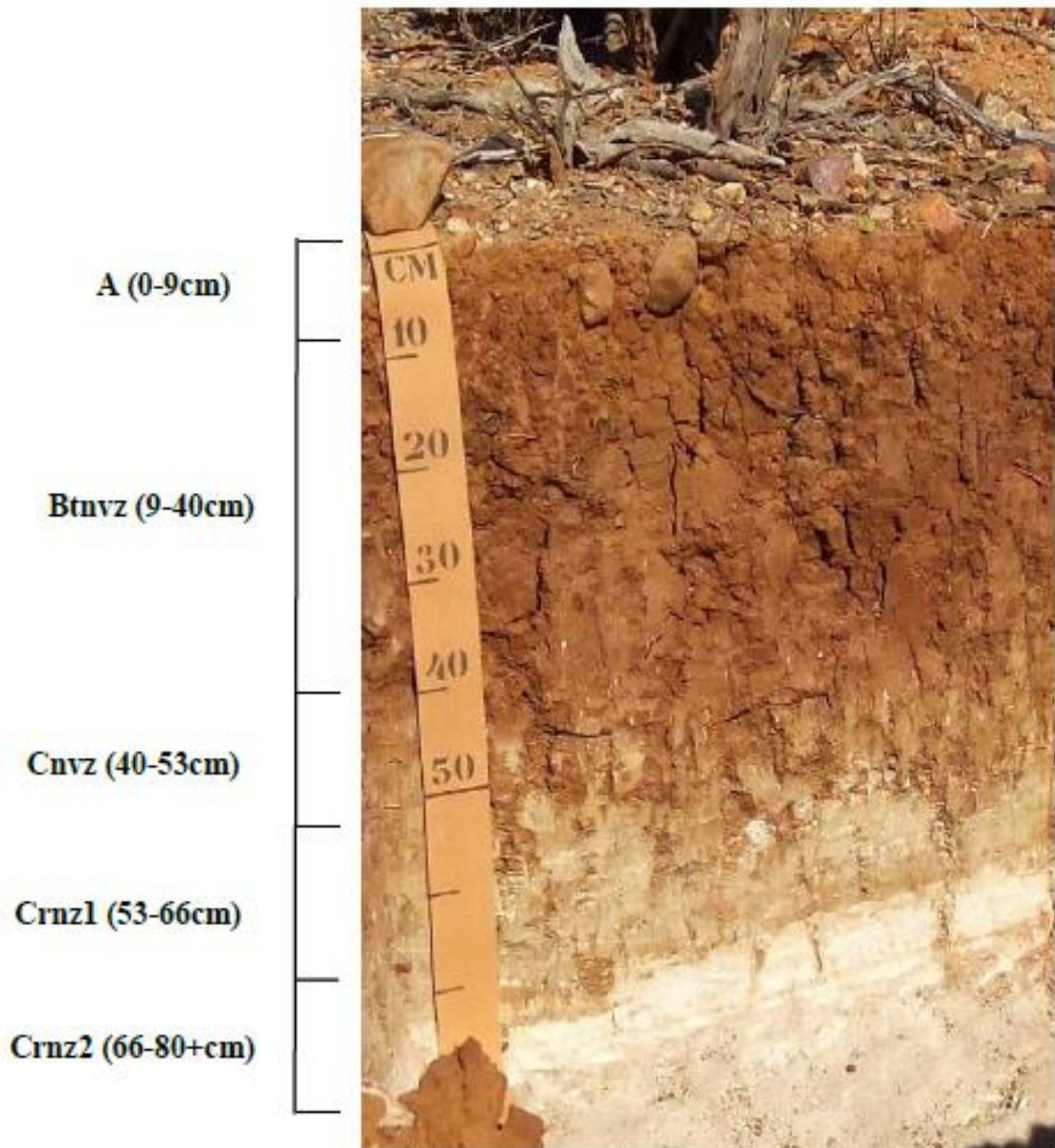
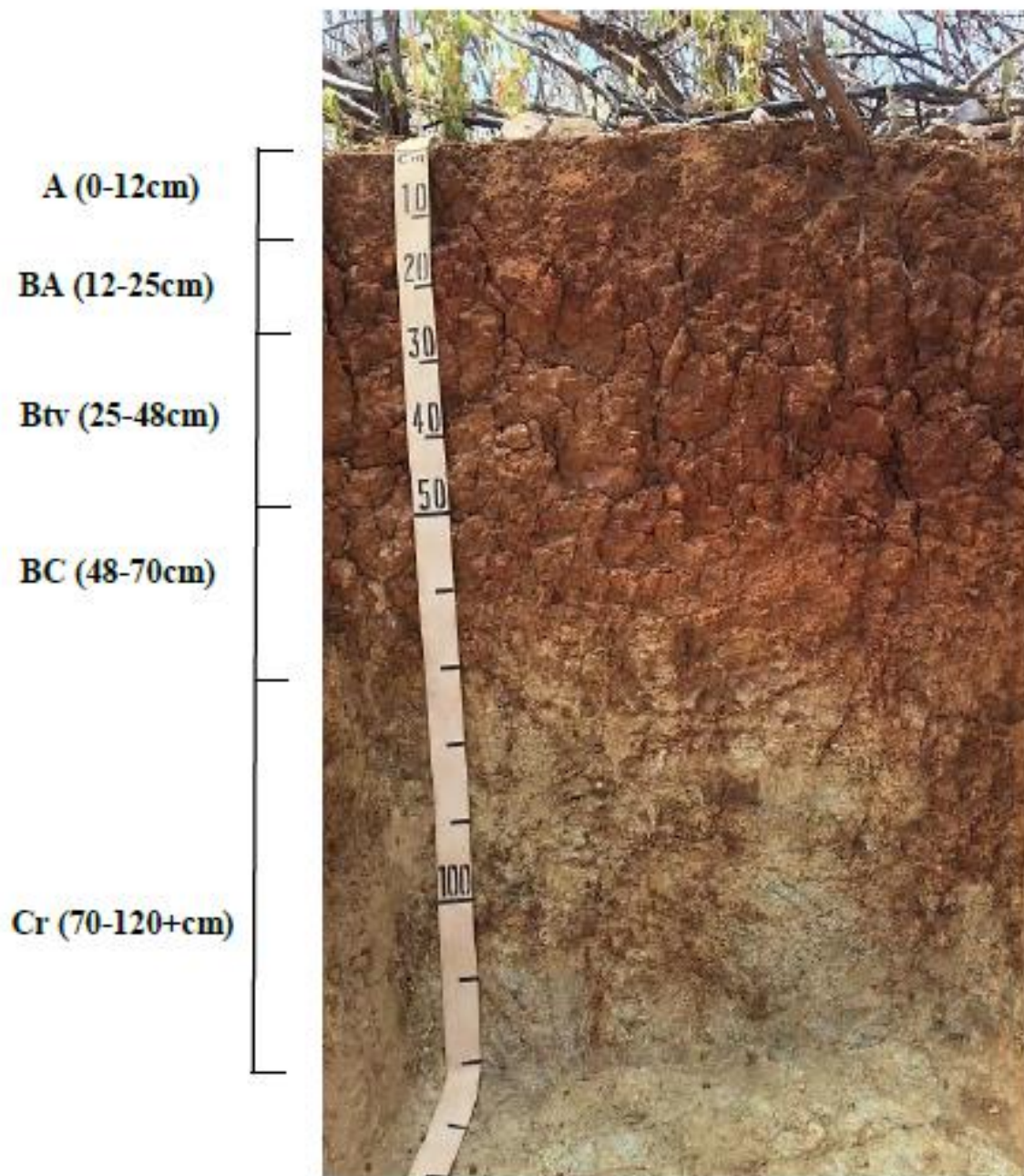


Figura 7 - Perfil de Luvissole crômico sob Caatinga no município de Serra Talhada (PE), classificado como referência (P3). Foto: Silva (2018)



No campo foi possível identificar algumas espécies vegetais típicas de caatinga, com distribuição aleatória tanto em P2, como em P3 (Figura 8). Dentre elas, o pereiro (*Aspidosperma pyrifolium* Mart.), catingueira (*Poincianella pyramidalis* (Tul.) L.P. Queiroz), jurema-preta (*Mimosa tenuiflora* Willd), coroa-de-frade (*Melocactus bahiensis* BRITTON & ROSE) e mandacaru (*Cereus jamacaru* P. DC.). Sem aparente variação local na composição florística, mas com variação na cobertura do solo.

Figura 8 - Alguns dos espécimes vegetais típicos de Caatinga registrados nas áreas de Itacuruba (P2) e Serra Talhada (P3)



3.2 Atributos químicos e físicos do solo

As amostras do P1 - Itacuruba (desertificado) foram caracterizadas de acordo com EMBRAPA (2017), e a caracterização dos perfis 2 e 3 foram cedidos por SILVA (2018). Após seco ao ar, o solo foi tamisado em malha de 2 mm e obtida a terra fina seca ao ar (TFSA), necessária para as análises químicas e físicas.

Determinou-se o pH em água na proporção solo:líquido (1:2,5). Os teores dos cátions trocáveis, Cálcio (Ca^{2+}), Magnésio (Mg^{2+}) e Alumínio (Al^{3+}) foram extraídos com KCl (1 mol L^{-1}), Ca^{2+} e Mg^{2+} dosados por espectrofotometria de absorção atômica e Al^{3+} por determinação volumétrica com NaOH 0,025 mol L^{-1} ; Potássio (K^{+}) e Sódio (Na^{+}) foram extraídos com Mehlich-1 (H_2SO_4 0,025 mol L^{-1} e HCl 0,05 mol L^{-1}) e dosados determinados por espectrofotometria de chama.

De posse destes resultados, foram calculados a Soma de bases (S), Saturação por bases (V%), Saturação por Alumínio (m%) e Capacidade de Troca de Cátions (efetiva e potencial). E o fósforo disponível ($\text{P}_{\text{disponível}}$) foi extraído por Mehlich-1 e dosado por colorimetria.

Nitrato e amônio foram extraídos por KCl (1 mol L^{-1}), os extratos foram então submetidos a destilação por arraste à vapores para análise de N (Kjeldahl). Na primeira destilação foi adicionado 0,2 g de óxido de magnésio calcinado, capturando em 10 mL de indicador ácido bórico (4%) até atingir aproximadamente 50 mL de produto da destilação. Na

segunda destilação foi adicionado 0,2 g de liga de Devarda. Ambos produtos de destilação foram neutralizados em H₂SO₄ padronizado a 0,0025 mol L⁻¹.

O teor de carbono e nitrogênio total foi determinado para cada horizonte, dos três perfis, por meio de combustão a seco em analisador elementar (LECO CN-2000) no Laboratório de Biogeoquímica Ambiental CENA/USP. De posse dos dados foi estimado o estoque de C e N nos horizontes e no perfil de solo, utilizando a seguinte equação (BATJES, 2014):

$$Est = CT \times Ds \times E \times (1 - S)$$

Onde:

Est = Estimativa do estoque de C ou N em determinada profundidade (Mg ha⁻¹)

CT = Teor de CT ou NT (g 100 g⁻¹ de “TFSA”)

Ds = Densidade do solo (g cm⁻³)

E = espessura do horizonte considerado (cm)

S = Proporção de fragmentos grosseiros (> 2 mm) em g 100 g⁻¹ de solo

A análise granulométrica dos solos foi realizada pelo método Densímetro (modelo ASTM nº 152H), adaptado conforme Almeida (2008). 20 g de TFSA foram submetidas à dispersão química via Calgon (Hexametáfosfato de Sódio e Carbonato de Sódio) e à dispersão física utilizando agitador mecânico tipo Wagner por 16 horas, em 50 rpm. Após agitação, a mistura (dispersante + TFSA) foi peneirada em malha de 0,053 mm para retenção da fração areia total, sendo que o restante da suspensão (Argila + Silte + Dispersante) coletado em proveta de 1000 mL. A areia total foi acondicionada em recipiente apropriado para estufa e, após secagem à 105° C, teve sua massa quantificada. Para a determinação da argila, completou-se com água destilada o volume da proveta para 940 mL, deixando-a repousar por 24 horas (tempo no qual, todo o silte estará sedimentado). Decorrido o tempo, foi inserido cuidadosamente o Densímetro na proveta obtendo a leitura da suspensão (argila + dispersante). Por fim, obtida a quantificação das frações areia e argila individualizadas, e o silte foi obtido por diferença.

A densidade do solo, para todos os horizontes, foi determinada pelo método torrão parafinado (EMBRAPA, 2017).

3.3 Atributos microbiológicos

A respiração basal do solo foi determinada pelo método proposto por Mendonça e Matos (2005). Em 75 g de terra fina seca ao ar (TFSA) foi feita a correção da umidade para 60% da capacidade máxima de retenção de água no solo. Essa amostra foi então incubada em potes

hermeticamente fechados contendo um frasco com NaOH ($0,5 \text{ mol L}^{-1}$) durante um período de cinco dias. A mensuração do C-CO₂ liberado pela microbiota do solo foi realizada a partir da determinação do NaOH remanescente, após reação com CO₂, por titulometria com HCl ($0,25 \text{ mol L}^{-1}$) usando fenolftaleína 1% como indicador.

A estimativa de C na biomassa microbiana do solo (C-BMS) foi obtida pelo método da irradiação-extração de Mendonça e Matos (2005), adotando o coeficiente de Sparling para correção de 0,4. Um micro-ondas foi utilizado para promover a lise celular, com tempo calculado de 3 min. Para uma mesma amostra, foi pesado 20 g de TFSA para ser irradiada e a mesma quantidade, que não seria irradiada. Posteriormente, adicionou-se 80 mL de sulfato de potássio ($0,5 \text{ mol L}^{-1}$) como solução extratora, tanto nas amostras irradiadas como nas não irradiadas. Em agitador horizontal, as amostras foram homogeneizadas com a solução por 30 min. Passado o tempo deixou-se repousar por 60 min, e por fim, filtradas em papel qualitativo. Para determinação foi alíquotado 10 mL do extrato filtrado, ao qual foi adicionado 2 mL de dicromato de potássio ($0,066 \text{ mol L}^{-1}$), 10 mL de ácido sulfúrico concentrado, 50 mL de H₂O deionizada, 3 gotas do indicador ferroin. O excesso de dicromato foi dosado com sulfato ferroso amoniacal ($0,03 \text{ mol L}^{-1}$).

A partir da razão entre CO₂ liberado na respiração basal e C-BMS, obteve-se o quociente metabólico ($q\text{CO}_2$) e, de posse dos dados de C-BMS e o carbono orgânico Total (COT), o quociente microbiano ($q\text{Mic}$) (ANDERSON; DOMSCH, 1993).

A estimativa de N na biomassa microbiana (N-BMS) também foi obtida pelo método da irradiação-extração proposto por Mendonça e Matos (2005). Foi utilizado o mesmo extrato filtrado obtido no ensaio de C-BMS, uma vez que o procedimento de obtenção é o mesmo. Em 20 mL do extrato foi adicionado 1 mL de peróxido de hidrogênio (30%), 2 mL de ácido sulfúrico concentrado, 0,7 g da mistura de digestão (NaSO₄ + CuSO₄.5H₂O + selênio metálico) e levado ao bloco digestor 350° C por duas horas. Após esfriar, adicionou-se 5 mL de H₂O deionizada e procedeu-se a destilação por arraste à vapores para análise de N (Kjeldahl), no qual foi adicionado vagarosamente 10 mL de NaOH (10 mol L^{-1}). A destilação foi realizada em 5 mL de indicador ácido bórico até atingir aproximadamente 50 mL de produto da destilação. Por fim, o produto foi neutralizado por titulação em HCl (padronizado a $0,005 \text{ mol L}^{-1}$).

A estimativa do P na biomassa microbiana (P-BMS) também foi obtida pelo método da irradiação-extração proposto por Mendonça e Matos (2005). A solução extratora utilizada foi o bicarbonato de sódio ($0,5 \text{ mol L}^{-1}$). Foram pipetados 5 mL do extrato filtrado, tanto das amostras irradiadas como não irradiadas. Corrigiu-se o pH do extrato com solução de HCl para 8,5. Foram adicionados 5,5 mL de H₂O deionizada e 2 mL de reagente de trabalho (solução

contendo ácido sulfúrico, molibdato de amônio, ácido ascórbico, tartarato de antimônio e potássio). Após a formação da cor azul (aproximadamente 30 min), procedeu-se a leitura da absorbância em espectrofotômetro à 882 nm de comprimento de onda. Em paralelo foi realizado o ensaio do P-recuperado (P-Spike) necessário aos cálculos de N-BMS.

3.4 Extração e quantificação do DNA metagenômico

A extração do DNA metagenômico das amostras de solo foi realizada a partir de alíquotas de 0,5 g, utilizando o kit DNeasy PowerSoil (QIAGEN Laboratories, Carlsbad, CA, USA), seguindo as instruções do fabricante. A extração de DNA foi feita para todos os horizontes dos dois perfis de Itacuruba e o perfil de Serra Talhada, desconsiderando para análises moleculares a camada Cr por se tratar de saprolito, ou seja, rocha “mole”. No total foram processadas 30 amostras. Posteriormente, o DNA foi analisado quanto à integridade e eficiência das extrações por eletroforese em gel de agarose 1% em TBE. Em cada canaleta do gel aplicou-se 4 µL do DNA, 1 µL de “Sybr green” e 1 µL “Load buffer” (LB). A eletroforese foi realizada à 100 V por 30 min.

A quantificação do DNA metagenômico foi realizada para padronizar as concentrações do produto da extração a 0,5 µg DNA/mL. A quantificação foi feita por fluorimetria utilizando-se um fluorímetro Qubit (Thermo Fisher Scientific).

3.5 PCR-DGGE

O DNA extraído dos diferentes horizontes e perfis foi utilizado para amplificação de genes alvo (16S rRNA; 18S rRNA; *nifH*; *amoA* (AOB); *phoD*;) pela reação em cadeia da polimerase (PCR), em termociclador *Mastercycler Gradiente Eppendorf*, utilizando-se conjuntos de *primers* específicos. Os genes alvos e as sequências dos *primers* estão descritos na Tabela 2. Importante ressaltar que todas as reações foram realizadas em triplicata e, controles negativos (sem DNA) foram usados em todas as bateladas de amplificação.

Tabela 2 - *Primers* e condições de ciclagem utilizadas para amplificação de genes alvo

<i>Primers</i> PCR-DGGE	Gene/Sequência dos <i>Primers</i> (5'-3')	Proponente
Bactéria total (16S rRNA)		
341f-GC 518r	GCCCGCCGCGCGCGGGCGGGGCGGGG GCACGGACTCCTACGGGAGGCAGCAG ATTACCGCGGCTGCTGG	Muyzer; Dewaal; Uitterlinden (1993)
Fungo total (18S rRNA)		
EF4 ITS4	GGAAGGGRTGTATTTATTAG TCCTCCGCTTATTG ATATGC	Smit et al. (1999) White et al. (1990)
ITS1f-GC ITS2	CGCCCGCCGCGCGCGGGCGGGGCGGGGCGGG GGCACGGGGGGCTTGGTCATTTAGAGGAAG TAA GCTGCGTTCTTCATCGATGC	Gardes; Bruns (1993) Smit et al. (1999)
Diazotróficos (<i>nifH</i>)		
FGPH19 PoIR PoIF-GC AQER	TACGGCAARGGTGGNATHG ATSGCCATCATYTCRCCGGA CGCCCGCCGCGCCCCGCGCCCGGCCCGCCG CCCCCGCCCCTGCGAYCCSAARGCBGACTC GACGATGTAGATYTCCTG	Simonet et al. (1991) Poly, Monrozier e Bally (2001)
Bactérias Amônia Oxidante - <i>amoA</i> (AOB)		
CTO189fA/C TO189fB CTO189fC CTO654r	GGAGRAAAGCAGGGGATCG GGAGGAAAGTAGGGGATCG CTAGCYTTGTAGTTTCAAACGC	Kowalchuk et al. (1997)
Mineralização de fósforo (<i>phoD</i>)		
ALPS-F730 ALPS-R1101- GC	CAGTGGGACGACCA GA GGT GAGGCCGATCGGCATGTCTG	Sakurai et al., 2008

Para amplificação do gene 16S rRNA foi utilizado o conjunto de *primers* 341f-GC e 518r. A solução (25 µL) continha: 1 µL do DNA extraído, 1,0 µL de cada *primer* (10 µM), 0,5 µL de dNTP's (10 µM), 1,5 µL de MgCl₂ (10 µM), 0,3 µL (1,5 U) de Taq Polimerase (Promega) e 2,5 µL de 10x PCR *buffer*. A ciclagem foi programada com uma pré-desnaturação a 95° C por 5 min, e em seguida 30 ciclos com desnaturação a 92° C por 1 min, pareamento a 55° C por 1 min e extensão a 72° C por 1 min e 30 s, por fim, um ciclo de extensão a 72° C por 10 min.

Para a amplificação da região ITS do gene do 18S rRNA foi adotado protocolo de *nested* PCR, com um conjunto de quatro *primers*, usados aos pares, a fim de melhorar a eficiência da amplificação. Foram utilizados os *primers* EF4 e ITS4 na primeira reação e ITS1-GC e ITS2 na segunda. A composição de ambas etapas da reação partiu de 1 µL do DNA extraído, 1,0 µL de cada *primer* (10 µM), 0,5 µL de dNTP's (10 µM), 1,25 µL de MgCl₂ (10 µM), 0,3 µL (1,5 U) de Taq Polimerase (Promega) e 2,5 µL de 10x PCR *buffer*. As condições de ciclagem foram

as mesmas para as duas reações. Programada com uma pré-desnaturação a 94° C por 10 min, em seguida 35 ciclos com as etapas de desnaturação (94° C por 30 s), pareamento (55° C por 30 s) e extensão (72° C por 5 min), por fim, um ciclo de extensão final 72° C por 5 min.

Para o gene *nifH* adotou-se o protocolo de *nested* PCR, em um conjunto de quatro *primers*, usados aos pares. Na primeira reação foram utilizados os *primers* FGPH19 e PolR, e os amplicons gerados foram novamente amplificados com os *primers* PolF-GC e AQER. A composição de ambas etapas da reação (25 µL) partiu de 1 µL do DNA extraído, 1 µL de cada *primer* (10 µM), 0,5 µL de dNTP's (10 µM), 0,75 µL de MgCl₂ (1,5 mM), 0,3 µL de Taq (1,5 U) Polimerase (Promega) e 2,5 µL de 10x PCR *Buffer*. As condições de ciclagem foram as mesmas para as duas reações. Programada com uma pré-desnaturação a 95° C por 10 min, em seguida 35 ciclos com as etapas de desnaturação (95° C por 1 min), pareamento (57° C por 1 min) e extensão (72° C por 3 min), por fim, um ciclo de extensão a 72° C por 10 min.

Para o gene *amoA* (AOB) adotou-se o protocolo de *nested* PCR, em um conjunto de seis *primers* a fim de melhorar a eficiência da amplificação. Foi utilizado uma combinação de quatro *primers* (CTO189f A/B, CTO189f C e CTO654r) na primeira reação, e os *amplicons* gerados foram amplificados com os *primers* 341f GC e 518r. A composição da reação de PCR da primeira fase partiu de 1 µL do DNA extraído adicionado junto à 2,5 µL de 10x PCR *Buffer*, 1 µL de MgCl₂ (10 µM), 0,62 µL dNTP's (10 µM), 0,5 µL do primer CTO189f A/B, 0,25 µL do primer CTO189f C e 0,75 µL do primer CTO644r (10 µM), 0,2 µL (1 U) de Taq Polimerase (Promega) para um volume final de 25 µL.

A segunda reação partiu de 1 µL do produto da reação antecedente adicionado junto a 2,5 µL de 10x PCR *Buffer*, 1,75 µL de MgCl₂ (10 µM), 0,5 µL dNTP's (10 µM), 1,0 µL de cada primer (10 µM), 0,2 µL (1 U) de Taq Polimerase (Promega) para um volume final de 25 µL. As condições de amplificação para a primeira reação foi programada com uma pré-desnaturação a 95° C por 3 min, em seguida 35 ciclos com as etapas de desnaturação (95° C por 3 min), pareamento (57° C por 1 min) e extensão (68° C por 45 s), por fim, um ciclo de extensão final 72° C por 10 min. A segunda reação foi realizada em uma pré-desnaturação a 95° C por 10 min, em seguida 30 ciclos com as etapas de desnaturação (95° C por 1 min), pareamento (57° C por 1 min) e extensão (72° C por 3 min), por fim, um ciclo de extensão a 72° C por 10 min.

Para o gene *phoD* adotou-se um conjunto de *primers*, ALPS-F730 e ALPS-R1101-CG. A composição da reação partiu de 1 µL do DNA extraído, 1,0 µL de cada *primer* (10 µM), 0,5 µL de dNTP's (10 µM), 1,0 µL de MgCl₂ (10 µM), 0,25 µL (1,5 U) de Taq Polimerase (Promega) e 2,5 µL de 10x PCR *buffer*, completando para o volume final de 25 µL com H₂O. A ciclagem foi programada com uma pré-desnaturação a 94° C por 4 min e em seguida 35 ciclos

com as etapas de desnaturação (94° C por 45 s), pareamento (57° C por 30 s) e extensão (72° C por 1 min), por fim, um ciclo de extensão a 72° C por 8 min. Verificou-se o produto de PCR em gel de agarose à 1% em TBE 0,5x para confirmação da amplificação do gene alvo a ser posteriormente caracterizado estruturalmente, sendo estocado à 4° C.

Os produtos obtidos da PCR (*amplicons*) foram verificados em gel de agarose à 1% em TBE 0,5x para confirmação da amplificação do gene alvo a ser posteriormente analisados por DGGE, sendo estocado à 4° C.

Para a caracterização da estrutura das comunidades bacterianas, fúngicas, fixadoras de N e bactérias amônia oxidantes os amplicons foram submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida com gradiente desnaturante (DGGE). A DGGE foi realizada em gel de acrilamida 8% construído com um gradiente desnaturante que varia de acordo com o gene alvo. Para os fragmentos de genes 16S rRNA foi construído um gradiente de 15 a 55% e a eletroforese vertical realizada a 200 V por um período de 3 h. Para os fragmentos dos genes 18S rRNA, o gradiente de 30 a 55% e a eletroforese vertical a 100 V por um período de 18 h. Para o *nifH*, 20 a 55% e para *amoA* (AOB), 15 a 55%, e para ambos, a eletroforese foi realizada nas mesmas condições que do 16S rRNA.

Os géis foram lavados em uma solução de ácido acético à 10% por 15 min e uma tríplice lavagem com água destilada deionizada, por 3 min cada. Em seguida uma lavagem de 15 min com metanol 50% e novamente a tríplice lavagem com água deionizada, para então ser corado com SYBR Gold (Thermo Fisher Scientific) por 40 min. As imagens foram capturadas pelo E-BOX VX2 (Vilber) e analisadas com o *software* GelJ V2 utilizando o coeficiente de similaridade de Jaccard e o agrupamento por média de grupos realizados com de tolerância de 5%, gerados os NDS no *software* PRIMER 5.

3.6 Reação da Cadeia da Polimerase em Tempo Real (*qPCR*)

Para os mesmos genes utilizados na PCR-DGGE foi realizada a *qPCR* com objetivo de quantificar a abundância de genes estruturais de bactérias e fungos, e genes funcionais presentes em micro-organismos envolvidos na fixação biológica de N, nitrificação, e mineralização do P em perfis de Luvisolo e seus respectivos horizontes sob níveis de desertificação. Os *primers*, seus proponentes e as condições de ciclagem estão descritos na Tabela 3.

As amplificações foram realizadas em sistema de PCR em tempo real (Light Cycler® 480) da Roche Applied Science. Todas as corridas foram realizadas em duplicatas, haja vista, a existência de três repetições biológicas por horizonte. Para as reações foram utilizados 5µL

do kit Platinum® Quantitative PCR SuperMix – UDG (Thermo Fisher Scientific), 1 µL de cada *primer* (10 µM), 1 µL de DNA, para um volume final de reação de 10 µL. As curvas padrões foram obtidas utilizando diluições seriadas (10^{-1} a 10^{-5}) de amostras de DNA metagenômico com concentrações conhecida. Todas as reações de amplificação apresentaram valores de eficiência entre 98 e 100%, e os valores de R^2 das curvas superiores a 0,98.

Tabela 3 - *Primers* e condições de ciclagem utilizadas para a quantificação em tempo real da abundância de genes alvo

<i>Primers</i> <i>qPCR</i>	Gene/Sequência dos Primers (5'-3')	Condições térmicas de ciclagem
Bactéria total (16S rRNA)		
341f ¹	CCTACGGGAGGCAGCAG	95° C por 5 min, 1 ciclo; 95° C por 10 s, 60° C por 10 s, 72° C por 30 s, 40 ciclos
518r ¹	ATTACCGCGGCTGCTGG	
Fungo total (18S rRNA)		
ITS1F ²	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA	95° C por 5 min, 1 ciclo; 95° C por 10 s, 60° C por 10 s, 72° C por 30 s, 40 ciclos
5.8S ²	CGCTGCGTTCTTCATCG	
<i>nifH</i> (Diazotróficos)		
FGPH19 ³	TACGGCAARGGTGGNATHG	95° C por 5 min, 1 ciclo; 94° C por 1 min, 57° C por 45 s, 72° C por 1 min, 30 ciclos
PolR ³	ATSGCCATCATYTCRCCGGA	
<i>amoA</i> (AOB) – Bactérias Amônia Oxidante		
CTO189fA/C	GGAGRAAAGCAGGGGATCG	95° C por 3 min, 1 ciclo; 95° C por 30 s, 58° C por 1 min, 68° C por 45 s, 35 ciclos
TO189fB ⁴		
CTO189fC ⁴	GGAGGAAAGTAGGGGATCG	
<i>phoD</i> (Mineralização de fósforo)		
ALPS-F730 ⁵	CAGTGGGACGACCACGAG GT	94° C por 4 min, 1 ciclo; 94° C por 45 s, 57° C por 30 s, 72° C por 1 min, 40 ciclos
ALPS-R1101 ⁵	GAGGCCGATCGGCATGTCG	

(1) Claesson et al. (2010); (2) Fierer et al. (2005); (3) Weisburg et al. (1991); (4) Tourna et al. (2008); (5) Sakurai et al. (2008).

3.7 Quantificação da glomalina

A extração e quantificação da glomalina presente na TFSA foi baseado nos procedimentos descritos por Wrigth e Upadhyaya (1996) e Wrigth e Upadhyaya (1998), utilizando o método de Bradford. A extração da fração glomalina facilmente extraível por Bradford foi feita a partir de 1 g de TFSA em 8 mL de citrato de sódio [20 mM (pH 7,0)], com digestão única em autoclave à 121° C por 60 min. A determinação foi realizada por colorimetria, e a partir de curva padrão ($y = 0,1192x + 0,1284$; $R^2 = 0,9904$), foram obtidos os teores em µg glomalina g⁻¹ solo. Já a fração glomalina total, por meio de 6 (seis) digestões consecutivas, utilizando o citrato de sódio como extrator [50 mM (pH 8,0)], sob as mesmas condições para

digestão. A determinação também foi realizada por colorimetria, e a partir de curva padrão ($y = 0,0894x + 0,2666$; $R^2 = 0,9997$), foram obtidos os teores em μg glomalina g^{-1} solo.

3.8 Quantificação da fosfatase alcalina

A atividade da fosfatase alcalina foi determinada segundo Tabatabai (1994). Determinada por espectrofotometria, 1,0 g de TFSA foi incubado em 0,2 mL de tolueno, 4 mL de tampão universal modificado (MUB) pH 11 e 1 mL de solução de ρ -nitrofenil fosfato de sódio (0,025 M), a 37° C, por 1 h. Em seguida, adicionou-se 1 mL de CaCl (0,5 M) e 4 mL de NaOH (0,5 M). Por fim, as amostras foram filtradas, e leitura realizada em espectrofotômetro (420 nm) para quantificação do ρ -nitrofenol. Os valores de atividade foram expressos em mg de ρ -nitrofenol kg^{-1} de solo h^{-1} .

3.9 Quantificação da urease

A atividade da urease foi mensurada conforme descrito por Tabatabai e Bremmer (1972). 1 g de solo foi incubado por 2 h à 37° C com tampão THAM, uréia e tolueno, esse procedimento ativa a enzima. Posteriormente, cessou-se a atividade enzimática da amostra com 40 mL de solução KCl-AgSO₄ (2,5 mol L⁻¹). Por fim, procedeu-se a destilação por arraste à vapores para análise de N (Kjeldahl) determinando a quantidade de amônio (NH₄⁺) liberada, a destilação foi realizada em 5 mL de indicador ácido bórico (2%) até atingir aproximadamente 50 mL de produto da destilação. Por fim, o produto foi neutralizado por titulação em HCl (padronizado a 0,0025 mol L⁻¹).

3.10 Análises estatísticas

A abundância dos genes 16S rRNA, 18S rRNA, *nifH*, *amoA* (AOB) e *phoD* foi submetida à análise de variância (ANOVA One-way) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$) por meio do programa estatístico SISVAR. Assim como para o C-BMS, N-BMS, P-BMS, respirometria, fosfatase, urease, glomalina e todas as demais variáveis químicas e físicas do solo.

Para avaliar a influência dos atributos químicos, físicos e microbiológicos dos Luvisolos, sob níveis de desertificação, e diminuir a dimensionalidade dos dados foi empregada análise multivariada de ordenamento, para tal foi utilizada a estrutura da comunidade (matrizes da DGGE). Inicialmente os dados foram submetidos à análise de correspondência destendenciada (*Detrended Correspondence Analysis* - DCA) com objetivo de

avaliar o comprimento do primeiro eixo e definir, segundo princípios estatísticos, o melhor ordenamento. Quando menor que 3 a distribuição dos dados é linear, e para tal se aplicou a análise de redundância (*Redundancy Analysis* - RDA); quando maior que 4, distribuição normal, a análise de correspondência canônica (*Canonical Correspondence Analysis* - CCA). Os gráficos foram gerados a partir das 30 amostras sendo expressas apenas as variáveis ambientais explicativas (VAE), com base na significância em permutações por teste de Monte-Carlo ($p < 0,05$), para o qual foi aplicado 499 permutações aleatórias. Toda a análise multivariada dos dados (DCA, RDA e CCA) foi realizada com auxílio do software estatístico CANOCO versão 4.5.

4 RESULTADOS

4.1 Atributos químicos e físicos do solo

Os solos apresentaram reação levemente ácida a alcalina (pH entre 5,9 e 7,2), saturação por bases superior a 70% (eutróficos) demonstrando boa fertilidade natural. Contudo, relações que implicam em disponibilidade de nutrientes de forma equilibrada: Ca/Mg, Ca/K e Mg/K apresentaram-se fora dos padrões de exigência vegetal, além da limitação de micronutrientes devido à faixa de pH. Não foi observada acidez trocável (Al^{3+}) (Tabela 4).

Foram registrados baixos teores médios de carbono total para a área desertificada, diferindo ($p < 0,05$) da referência, que por sua vez difere da área em processo de desertificação (Tabela 4). Dentre os níveis de desertificação, P1 apresentou os maiores teores de Na^+ em todos os horizontes diferindo significativamente dos demais perfis ($p < 0,05$). Dentro da área desertificada, o acúmulo de sódio foi mais expressivo nos horizontes Bt-1 ($4,36 \text{ cmol}_c \text{ kg}^{-1}$) e C-1 ($4,25 \text{ cmol}_c \text{ kg}^{-1}$) os quais diferiram ($p < 0,05$) do horizonte superficial A-1 (Tabela 4).

Teores de amônio (NH_4^+) variaram de não detectados a $5,4 \text{ mg kg}^{-1}$, concentrando-se nos horizontes mais argilosos (Bt e C). Em contrapartida, os teores de nitrato (NO_3^-) atingiram valores superiores ($12,4$ a $372,2 \text{ mg kg}^{-1}$) em todos os horizontes e perfis. Maior teor de nitrato ($372,2 \text{ mg kg}^{-1}$) foi detectado no horizonte Bt1 do perfil desertificado (P1). Ainda, dentro do perfil desertificado, é possível observar que no horizonte A1 o teor de nitrato foi quinze vezes menor do que o Bt1 e aproximadamente nove vezes menor do que no horizonte C1. Comparando os perfis é possível perceber que os teores de nitrato decresceram conforme o grau de preservação da área ($P1 > P2 > P3$). Comparando o horizonte A dos três perfis, nota-se que P2, perfil em processo de desertificação, apresentou o maior teor de nitrato ($229,5 \text{ mg kg}^{-1}$).

Tabela 4 - Características físicas e químicas de Luvisolos e seus horizontes provenientes de Itacuruba e Serra Talhada, Semiárido Pernambucano

PERFIL	ITACURUBA			ITACURUBA			SERRA TALHADA			
	Desertificado – P1			Em desertificação – P2			Referência – P3			
HORIZONTE	A1	Bt1	C1	A2	Bt2	C2	A3	BA3	Bt3	BC3
pH (H ₂ O)	6,3	5,9	7,0	6,9	7,2	7,2	6,2	6,3	6,5	6,9
P	6,50	2,50	6,50	18,6	0,53	2,33	10,77	1,19	0,10	47,9
NH ₄ ⁺	-	3,6	5,4	5,4	-	1,8	-	1,8	0,9	5,4
NO ₃ ⁻	24,8	372,2	217,1	229,5	142,7	74,4	31,0	24,8	18,6	12,4
K ⁺	0,32	0,13	0,12	0,52	0,08	0,09	0,5	0,13	0,11	0,08
Na ⁺	0,32	4,36	4,25	0,11	1,34	2,31	0,02	0,19	0,42	0,73
Ca ²⁺	7,25	14,85	13,05	9,1	10,07	10,59	8,99	10,06	15,33	18,23
Mg ²⁺	3,55	10,10	9,00	5,04	13,64	19,27	3,67	8,99	19,39	21,13
Al ³⁺	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H+Al	2,75	2,58	1,90	1,73	1,49	0,91	5,78	4,54	4,62	2,97
SB	11,44	29,44	26,42	14,77	25,13	32,26	13,18	19,37	35,25	40,17
t	11,44	29,44	26,42	14,83	25,22	32,32	13,24	19,5	35,44	40,23
T	14,19	32,02	28,32	16,50	26,62	33,17	18,96	23,91	39,87	43,14
V	81	92	93	90	94	97	70	81	88	93
m	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C.T.	4,75	4,80	4,93	22,73	8,50	6,07	27,30	9,72	5,60	4,61
Estoque de C	4,56	16,44	12,63	20,59	49,03	14,50	39,78	17,84	19,72	13,63
N.T.	0,71	0,51	0,52	2,03	0,73	0,70	2,35	0,93	0,68	0,39
Estoque de N	0,69	1,76	1,32	1,84	4,20	1,68	3,42	1,71	2,40	1,15
Argila	285	383	371	313	534	433	283	518	601	339
Areia	555	447	523	529	337	425	570	415	226	319
Silte	166	171	107	159	129	132	147	68	174	342
Ds	1,67	1,59	1,90	1,32	1,88	1,89	1,31	1,50	1,56	1,37

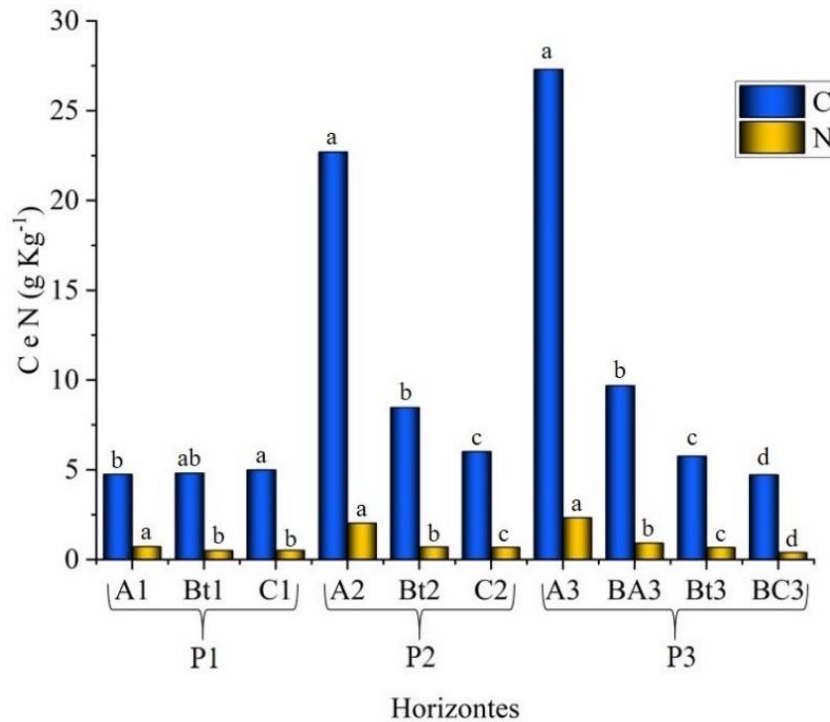
*P2 e P3 foram compilados de Silva (2018) e fundidas na Tabela 3 para facilitar a comparação. Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Análises químicas do P1 foram realizadas no Laboratório de Química Ambiental do Departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, segundo método descrito pela Empresa Brasileira de pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (2017). Carbono total (C.T.) e nitrogênio total (N.T.) para todos os perfis foram realizados no CENA/USP. Unidades: Fósforo disponível (P), amônio (NH₄⁺) e nitrato (NO₃⁻) em mg kg; potássio trocável (K⁺), sódio trocável (Na⁺), cálcio trocável (Ca²⁺), magnésio trocável (Mg²⁺), acidez trocável (Al³⁺), acidez potencial (H+Al), soma de bases (SB), capacidade de troca catiônica efetiva (t) e capacidade de troca catiônica potencial (T) em cmol_c kg⁻¹; saturação por bases (V) e saturação por alumínio (m) em %; C.T. e N.T. em g kg⁻¹; Estoque de C e N em Mg ha⁻¹; Argila, Areia e Silte em g kg⁻¹; densidade do solo (Ds) em kg m⁻³.

A classe textural variou entre horizontes, permanecendo o Bt entre argilosa a muito argilosa, diferindo dos demais. Esse gradiente textural abrupto é um dos critérios fundamentais para a classificação de Luvisolos, dentro do Sistema Brasileiro de Classificação de Solos – SIBCs. Também foi possível notar que o P1 apresentou menor teor de argila em todos os horizontes: A1 (285 g kg^{-1}); Bt1 (383 g kg^{-1}) e C1 (371 g kg^{-1}).

A densidade do solo (Ds), para o horizonte superficial A, aumentou com a desertificação, sendo observado os maiores valores em P1 (1.670 kg m^{-3}) e menores no perfil de referência P3 (1.310 kg m^{-3}). P2 apresentou valor intermediário (1.320 kg m^{-3}) porém ainda próximo a condição preservada. Destaca-se também que em todos os perfis, independente da condição a Ds aumentou com a profundidade.

A desertificação promoveu reduções significativas ($p < 0,05$) nos teores totais de C e N do solo, resultando em diferenças significativas entre os três perfis ($p < 0,05$) (Figura 9). A tendência natural, avaliando o P3 (perfil referência), é que os teores totais decresçam com a profundidade e que o horizonte superficial A apresente contribuição significativa no atributo. Em P1, nota-se que a ausência de vegetação reduziu em quase seis vezes o conteúdo de C ($4,72 \text{ g kg}^{-1}$) quando comparado à referência ($27,30 \text{ g kg}^{-1}$). Ainda em P1, os horizontes Bt1 e C1 não diferiram entre si ($p > 0,05$), mas ambos diferiram significativamente do A1 ($p < 0,05$). O perfil P2 ainda apresenta teores e comportamento semelhante ao perfil referência (P3), entretanto, existe uma redução facilmente perceptível em observância do horizonte superficial A ($27,30$ e $22,73 \text{ g kg}^{-1}$, P3 e P2, respectivamente). Contudo, somando-se os teores totais de C e N dos horizontes para cada perfil, observou-se que a ordem decrescente seria: $P3 > P2 > P1$, tanto para C quanto para N.

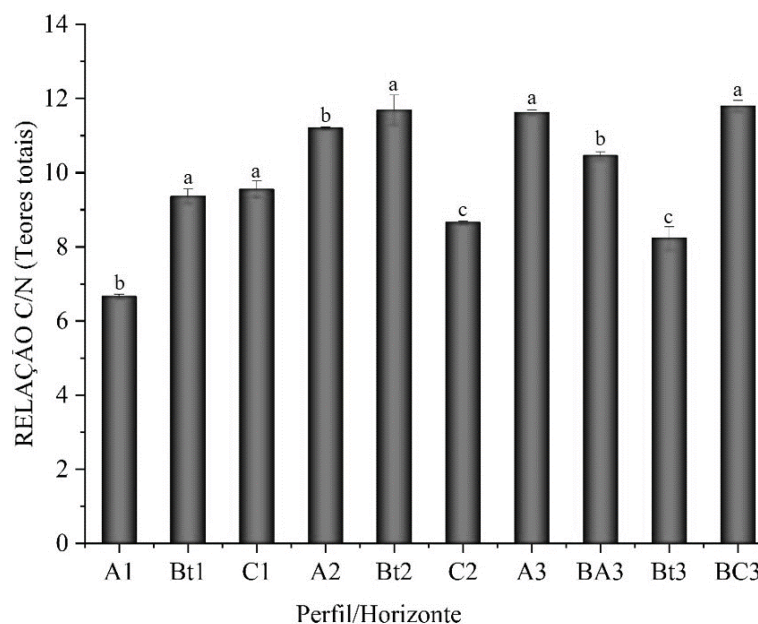
Figura 9 – Médias dos teores totais de carbono e nitrogênio em perfis de Luvisolos crômico e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey ($p < 0,05$). Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente.

Boas relações C/N foram observadas em todos os perfis, sugerindo um favorecimento do processo de mineralização da matéria orgânica. Na Figura 10 é possível observar que as relações C/N variaram de 6,66 a 11,80 g kg⁻¹. Em P3, ambiente em condições naturais de Caatinga, a relação C/N diminuiu com a profundidade, sendo: A3 > BA3 > Bt3. Comportamento distinto foi observado ao avaliar as áreas sob desertificação (P1 e P2), nas quais os horizontes A apresentaram relações C/N menores do que nos horizontes Bt, sugerindo o possível acúmulo de C em detrimento do N em subsuperfície.

Figura 10 – Médias das relações C/N dos teores totais para perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



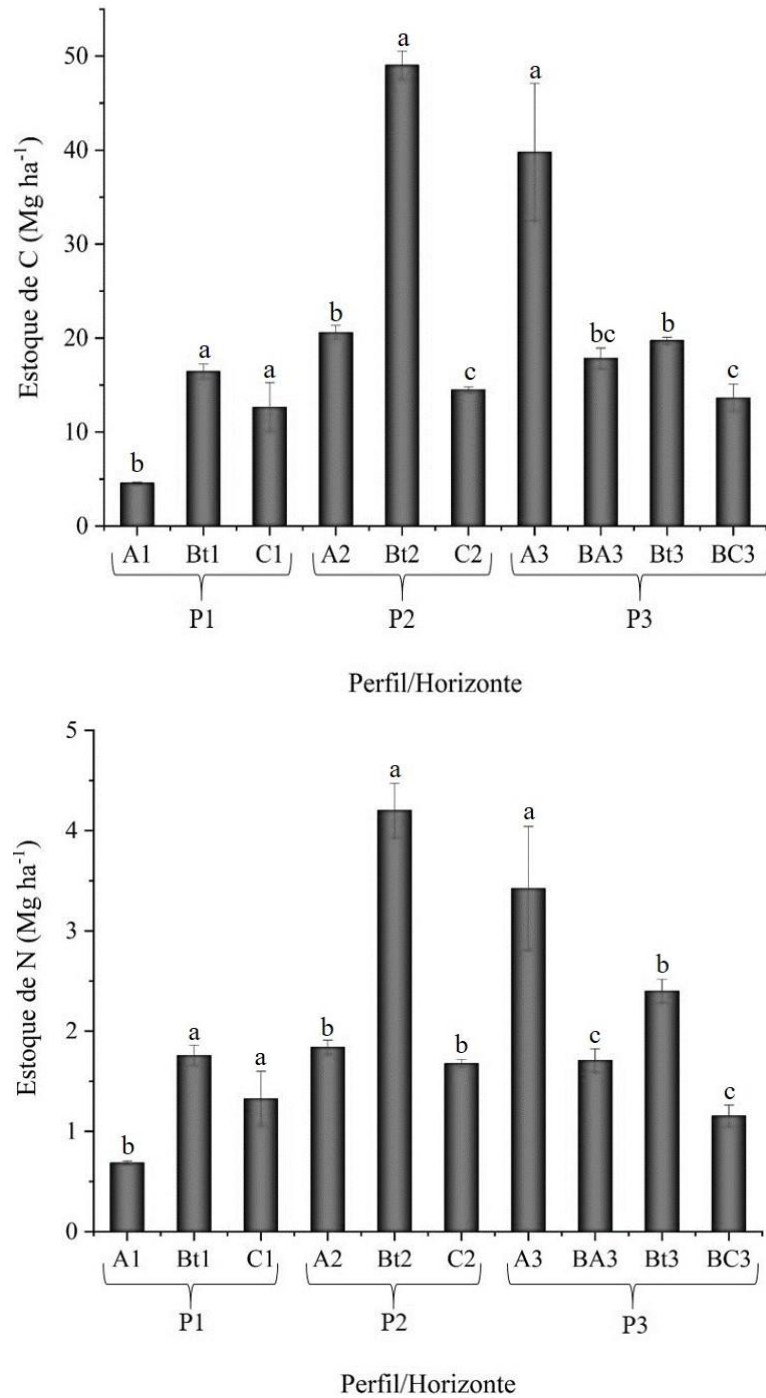
Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão ($n = 3$). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey ($p < 0,05$).

As estimativas do estoque de C e N total por horizonte dentro de cada perfil de Luvisolo crômico sob diferentes níveis de desertificação estão apresentadas na Tabela 3 e na Figura 11. Foi possível observar que nas áreas inseridas dentro do Núcleo de desertificação de Cabrobó, P1 e P2, o horizonte textural Bt é o maior contribuinte (16,44 e 49,03 Mg ha^{-1} , respectivamente) para estabilidade da matéria orgânica do solo (MOS) e, por consequência, eleva o quantitativo do C armazenado. Assim como para o nitrogênio (1,76 e 4,20 Mg ha^{-1} , respectivamente), contudo em P1 não foi registrada diferença significativa na comparação entre o horizonte Bt1 e C1.

Em adição, também foi possível verificar que existiu uma expressiva redução dos estoques de C e N no horizonte superficial A em P1 (4,56 Mg ha^{-1}) e P2 (20,59 Mg ha^{-1}), quando comparado com a referência P3 (39,78 Mg ha^{-1}). Somando-se todos os horizontes de cada área, os maiores e menores valores de estoque foram alcançados em P3 (90,98 Mg ha^{-1}) e P1 (33,64 Mg ha^{-1}), respectivamente. Os dados mostraram que a desertificação induziu uma redução de 63% do montante de C estocado em uma mesma ordem de solo. A área classificada como em processo de desertificação (P2), embora detenha uma estimativa de estoque semelhante

(84,12 Mg ha⁻¹) à referência, significativa alteração do horizonte de maior contribuição (A2) foi identificada, apresentando maiores reservas em Bt2.

Figura 11 – Estimativa dos estoques de C e N totais para perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão (n = 3). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey (p < 0,05).

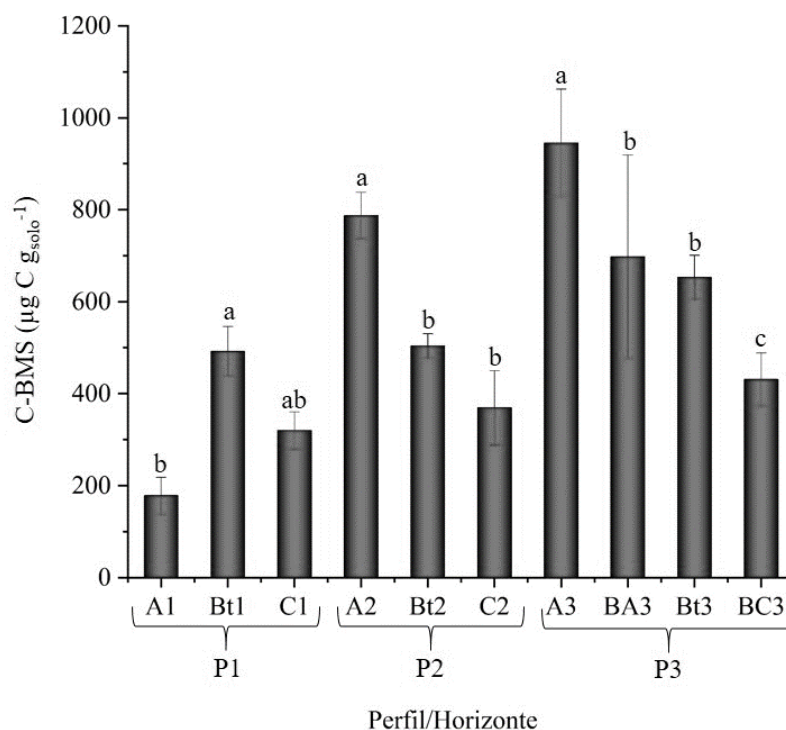
4.2 Atributos microbiológicos em Luvisolos

4.2.1 C, N e P na biomassa microbiana do solo (BMS)

Para os Luvisolos crômicos avaliados, a estimativa do C-BMS decresceu com o avanço dos níveis de desertificação ($P3 > P2 > P1$), variando de 944,75 a 177,84 $\mu\text{g C g}^{-1}$ de solo. Também foi registrado menor acúmulo de C-BMS com o aumento da profundidade, acompanhando o aumento da densidade do solo (Figura 12, Tabela 3).

As maiores estimativas de C-BMS, 944,75 e 787,22 $\mu\text{g C g}^{-1}$ de solo, foram observadas nos horizontes A do P3 e P2, respectivamente, sob cobertura vegetal do bioma Caatinga. A ausência da vegetação (desertificação) alterou esse padrão, reduzindo o atributo significativamente no horizonte A1 de P1, mas o manteve preservado em subsuperfície, nos horizontes Bt1 e C1 (Figura 12).

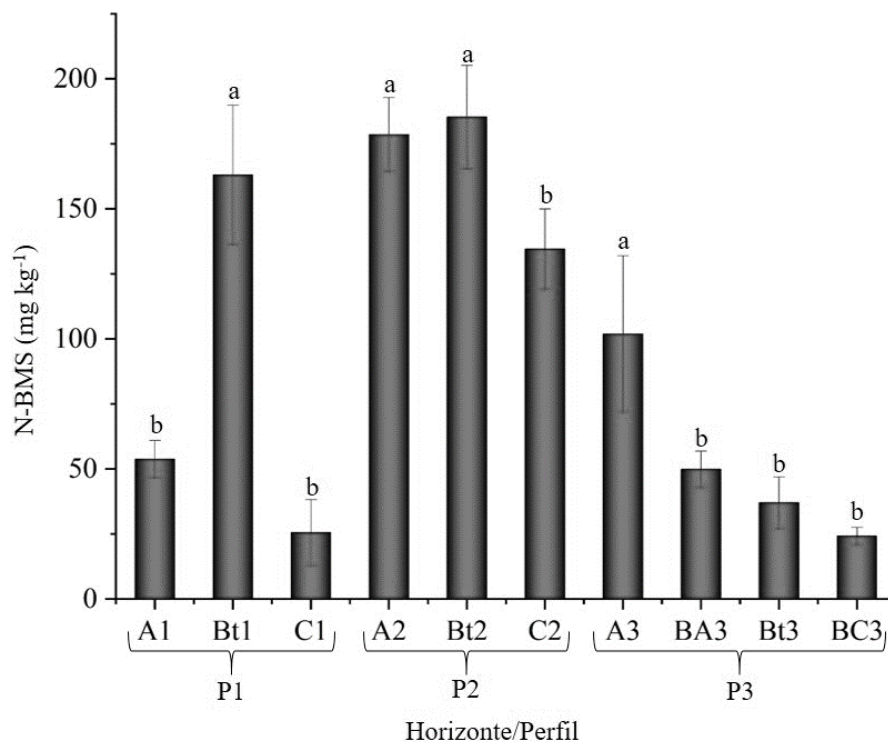
Figura 12 - Estimativa do carbono na biomassa microbiana do solo (C-BMS) em perfis de Luvisolos crômicos, por horizonte, provenientes do Semiárido Pernambucano sob diferentes níveis de desertificação



Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão ($n = 3$). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey ($p < 0,05$).

As estimativas dos teores de nitrogênio na biomassa microbiana do solo (N-BMS) variaram de 13,75 a 311,86 mg kg⁻¹ nos diferentes níveis de desertificação (Figura 13). Os perfis P2 e P3 apresentaram comportamento semelhante quanto à redução dos valores estimados com o aumento da profundidade, distinguindo-se do P1 que apresentou maiores valores no horizonte Bt1 (231,67 mg kg⁻¹), sendo A1 e C1 estatisticamente iguais ($p > 0,05$). Em P2, os horizontes A2 (185,25 mg kg⁻¹) e Bt2 (178,47 mg kg⁻¹) apresentaram N-BMS significativamente maior ($p < 0,05$) em relação ao C2 (134,47 mg kg⁻¹). E, em P3, o horizonte A3 (101,82 mg kg⁻¹) diferiu dos demais horizontes ($p < 0,05$).

Figura 13 - Estimativa do teor de nitrogênio na biomassa microbiana do solo (N-BMS) em perfis de Luvisolos crômicos, por horizonte, provenientes do Semiárido Pernambucano sob diferentes níveis de desertificação

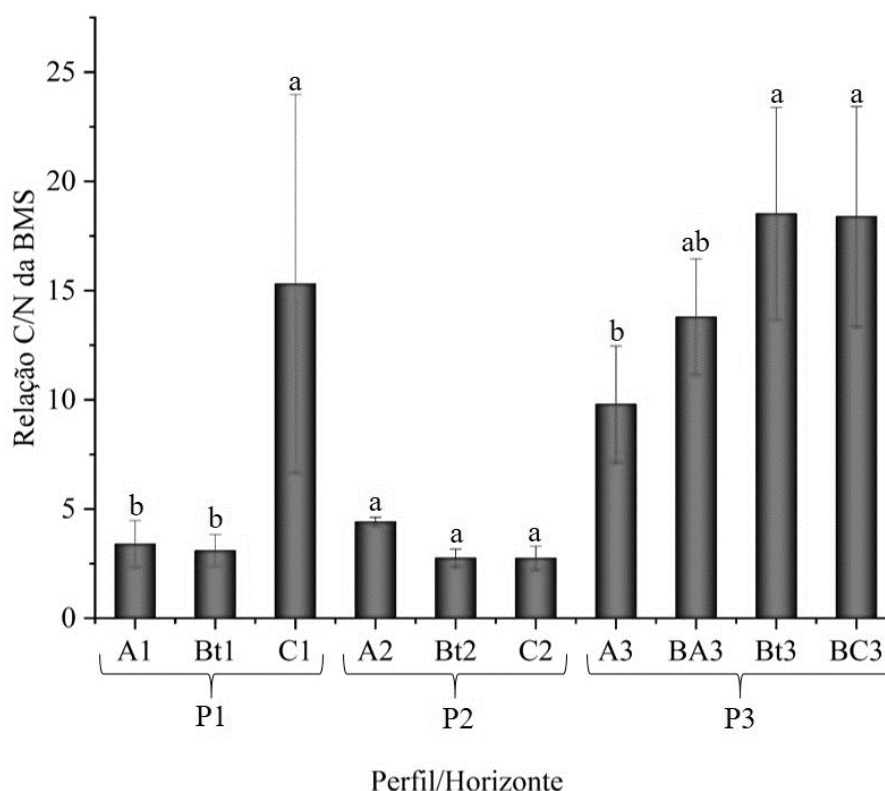


Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão ($n = 3$). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey ($p < 0,05$).

A relação C/N da biomassa microbiana mostrou que as áreas em desertificação e desertificada não apresentam diferenças entre si ($p > 0,05$), mantendo-se a referência (P3) contrastante a esse padrão. Na Figura 14 é possível observar que tanto em P1 como em P3, os horizontes superficiais apresentaram menores relações C/N na BMS, as quais aumentaram em função da profundidade. Já em P2, a relação diminuiu com a profundidade. Os horizontes A1 e

Bt1 do P1 não diferem entre si ($p > 0,05$), e ambos diferem do horizonte C1 ($p < 0,05$). Em P2, não foram identificadas diferenças significativas em termos de horizonte pedogenético ($p > 0,05$). E em P3, os horizontes BA3, Bt3 e BC3 são significativamente iguais ($p > 0,05$) diferindo apenas do horizonte A3 ($p < 0,05$), com exceção do BA3 que também não difere do A3.

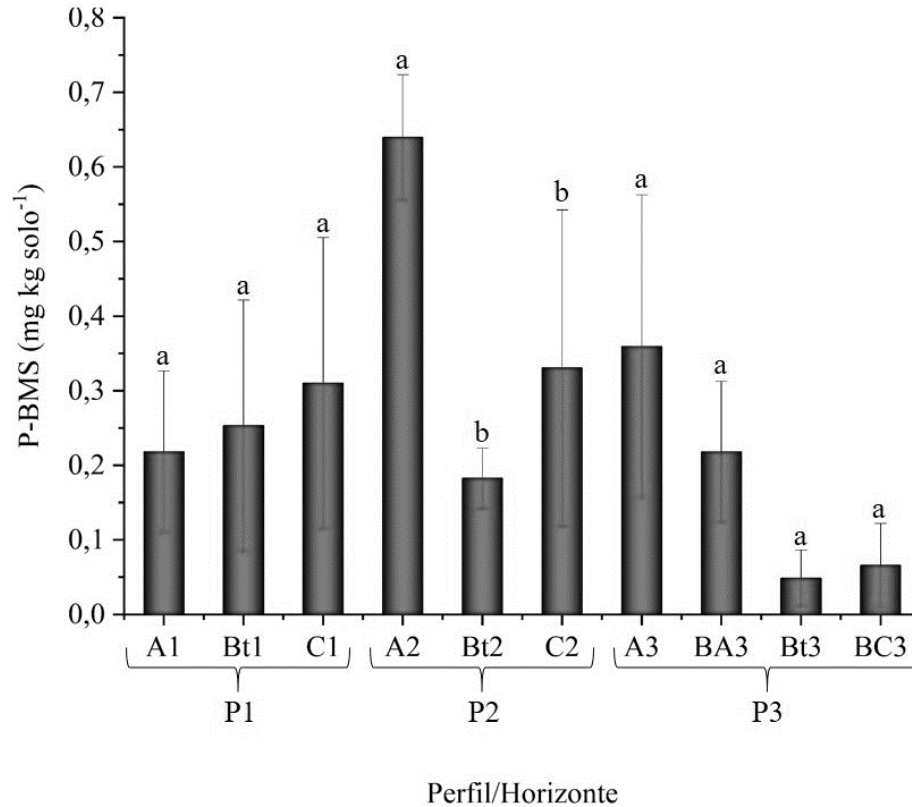
Figura 14 – Média da relação C/N na biomassa microbiana do solo (BMS) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão ($n = 3$). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey ($p < 0,05$).

Não foi observada uma tendência definida nas estimativas de P-BMS em função dos processos de desertificação (Figura 15). No perfil desertificado (P1) e na Caatinga preservada (P3), a estimativa de P-BMS não apresentou diferença significativa entre horizontes ($p > 0,05$), indicando um estreitamento no metabolismo microbiano independente da profundidade. Já em P2, o horizonte A2 ($0,64 \text{ mg kg}^{-1}$) detém maiores valores para o atributo, diferindo dos horizontes subsuperficiais, Bt2 ($0,18 \text{ mg kg}^{-1}$) e C2 ($0,33 \text{ mg kg}^{-1}$) ($p < 0,05$).

Figura 15 - Estimativa do teor de fósforo na biomassa microbiana do solo (P-BMS) em perfis de Luvisolos crômicos, por horizonte, provenientes do Semiárido Pernambucano sob diferentes níveis de desertificação



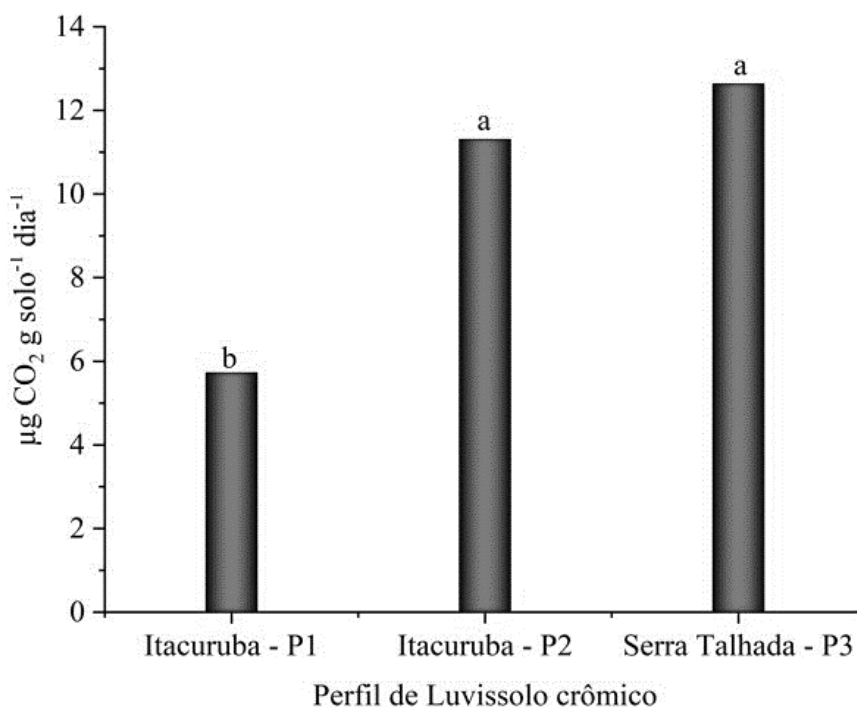
Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão (n = 3). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey (p < 0,05).

4.2.2 Respiração basal do solo (RBS), quociente metabólico e quociente microbiano

Uma redução da liberação de C-CO₂ do solo com o avanço dos processos degradativos que culminam na desertificação foi observada. Valores médios registrados foram de 12,63, 11,30 e 5,72 $\mu\text{g C-CO}_2 \text{ g}_{\text{solo}}^{-1} \text{ dia}^{-1}$ para P3, P2 e P1, respectivamente. O perfil P2 (em processo de desertificação) e P3 (área referência) não apresentam diferenças significativas (p > 0,05). No entanto, este comportamento é diferenciado em relação a área em que a vegetação não mais consegue se reestabelecer (P1), a qual apresentou valores de C-CO₂ liberado duas vezes menor quando comparada às áreas com cobertura vegetal (Figura 16).

Observando os teores de C do solo (Tabela 3) é possível inferir que essa perda funcional está também associada ao padrão de redução semelhante à RBS, acompanhando a desertificação. Os resultados apontam para uma relação direta entre C e RBS em se tratando de áreas sob vegetação nativa de Caatinga.

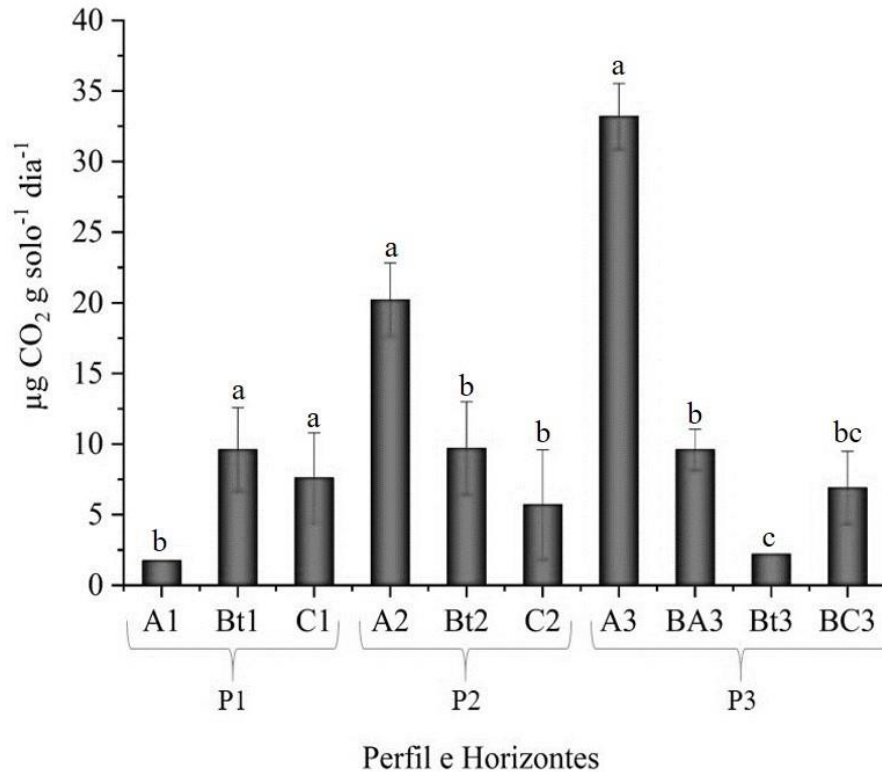
Figura 16 - Respiração basal do solo acumulada aos 5 dias de incubação em perfis de Luvisolos provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



Barras de erro representam o erro padrão (n = 3). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey (p < 0,05).

Comparando-se horizontes independentemente do perfil, foi possível observar que o horizonte superficial “A” apresenta maiores valores de C-CO₂ liberado, destacando-se dos demais, e diferindo significativamente (p < 0,05). Contudo, também foi possível perceber que a ausência de vegetação desfavoreceu significativamente a comunidade microbiana na porção superficial do P1 (desertificado) e de alguma forma favoreceu em subsuperfície, Bt1 e C1, os quais não diferiram entre si (p < 0,05) (Figura 17). O horizonte A dos perfis P2 (20,23 μg CO₂ g solo⁻¹ dia⁻¹) e P3 (33,21 μg CO₂ g solo⁻¹ dia⁻¹) apresentou maior liberação de CO₂ do que no horizonte adjacente (p < 0,05), respectivamente, Bt (7,96 μg CO₂ g solo⁻¹ dia⁻¹) e transicional BA (9,56 μg CO₂ g solo⁻¹ dia⁻¹). Por fim, foi observado que o horizonte diagnóstico Bt não resguardou a variável em questão, indicando que a profundidade regeu a respiração basal do solo mais do que as características químicas e físicas do horizonte.

Figura 17 - Respiração basal do solo acumulada aos 5 dias de incubação nos diferentes horizontes em perfis de Luvisolos, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



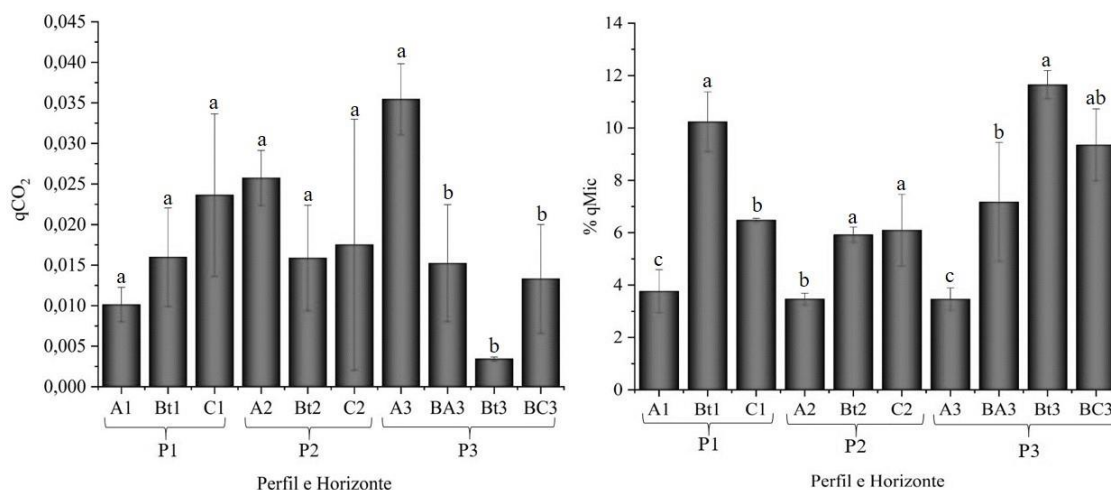
Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão (n = 3). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey (p < 0,05).

Na Figura 18 estão apresentados resultados inéditos das possíveis alterações metabólicas microbianas frente à desertificação por horizontes diagnósticos. No Luvisolo desertificado (P1) foi observado uma tendência de aumento do quociente metabólico com o aumento da profundidade, apresentando-se maior no horizonte C1 ($0,0101 < 0,0160 < 0,0236$), contudo não diferem significativamente (p > 0,05). Padrão distinto ao que foi observado para o P2 (perfil em processo de desertificação), também não diferindo entre horizontes (p > 0,05) e decrescente com aumento da profundidade ($0,0257 > 0,0159 > 0,0175$). E em P3, o horizonte superficial A3 apresentou maior quociente metabólico (0,0354) diferindo significativamente dos demais (p < 0,05).

Para os três Luvisolos, o quociente microbiano (q_{mic}) apresentou-se significativamente inferior nos horizontes superficiais A1 (3,76%) A2 (3,46%) e A3 (3,46%) e superior em Bt1, Bt2 e Bt3, ou seja, crescente em função da profundidade (p < 0,05). Nas áreas com vegetação, destaca-se que o quociente microbiano (q_{mic}) não diferiu entre os horizontes

Bt2 (5,92%) e C2 (6,09%), assim como, entre o Bt3 (11,65%) e BC3 (9,35%). Já na área desertificada, foi observado maior quociente microbiano no Bt1 (10,23%), o qual apresentou diferença significativa em relação aos horizontes A1 (3,76%) e C1 (6,48%), demonstrando que os horizontes não resguardaram semelhanças na determinação dos quocientes metabólico e microbianos em perfis de Luvisolos crômicos oriundos de um mesmo material de origem, sob níveis de desertificação (Figura 18).

Figura 18 - Quociente metabólico (qCO_2) em $mg\ C-CO_2\ mg\ Cmic^{-1}\ dia^{-1}$ e quociente microbiano ($qMic$) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, provenientes do Semiárido Pernambucano, sob diferentes níveis de desertificação



Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Barras de erro representam o erro padrão ($n = 3$). Letras minúsculas iguais indicam não haver diferença na comparação das médias dos horizontes dentro do perfil, Tukey ($p < 0,05$).

4.3 Análises moleculares

4.3.1 Estrutura das comunidades microbianas (PCR-DGGE)

Na comparação dos Luvisolos sob diferentes níveis de desertificação com a referência, os resultados fornecem evidências de que a estrutura das comunidades bacteriana com base em um fragmento do gene 16S rRNA sofreu alterações em pelo menos 50%, sendo perceptível uma segregação estrutural de comunidades em função da desertificação e dos horizontes (Figura 19).

A estrutura das comunidades bacterianas respondeu à desertificação. Com base na ordenação por MDS e da ANOSIN foi possível observar que entre as áreas desertificadas, P1 e P2, não houve diferença significativa entre as estruturas das comunidades de bactérias, contudo

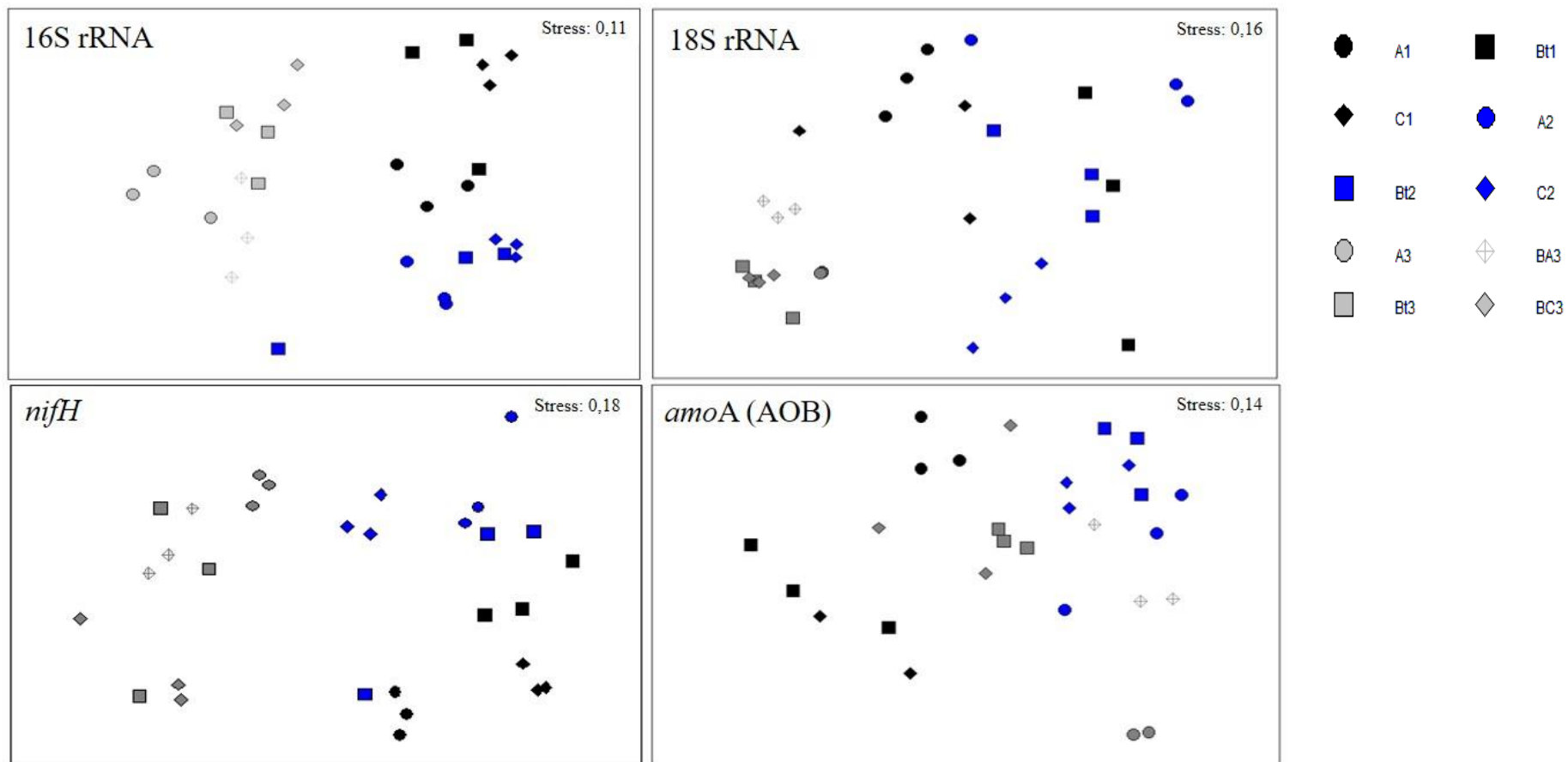
comparando-se P1 e P3, e P2 e P3 notou-se que estas diferem ao nível de 5% (Stress 0,11). Também foi possível observar que no perfil de referência (P3), as comunidades bacterianas nos horizontes se assemelham quanto à profundidade, distinguindo-se em superficiais (A3 e BA3) e subsuperficiais (Bt3 e BC3) (Figura 19).

Observando a estrutura das comunidades fúngicas é possível perceber, por meio da ordenação por MDS, clara distinção entre as comunidades da Caatinga preservada e das áreas sob desertificação, as quais, independentemente do nível de desertificação, mostraram alguma sobreposição entre horizontes (Stress 0,16).

A estrutura da comunidade diazotrófica apresentou segregação semelhante a fúngica (Stress 0,18). Contudo, no escalonamento multidimensional essa sobreposição não é perceptível. Embora tenha apresentado um stress de 0,14, as estruturas da comunidade de bactérias amônio oxidantes também se sobrepõe, mas pelo baixo valor de stress, há maior segregação de grupos. A comunidade de mineralizadores do fósforo (*phoD*) não foi acessada em nenhum perfil, provavelmente pelo fato de os *primers* utilizados não terem sido eficientes na amplificação do DNA.

Os resultados do teste de pareamento da ANOSIM para bactéria total (16S rRNA) entre os níveis de desertificação elucidaram que há pouca distinção entre comunidades do P1 e P3 (R Statistic = 0,143; $p < 0,05$) e entre P2 e P3 (R Statistic = 0,2; $p < 0,05$) indicando semelhança nas comunidades bacterianas (Tabela 5). Para fungos totais (18S rRNA), a análise de similaridade não mostrou diferenças significativas entre as comunidades de P1 e P2 ($p > 0,05$), mas diferiram ($p < 0,01$) quando da comparação entre P1 e P3 (R Statistic = 0,773) e entre P2 e P3 (R Statistic = 0,858). Para diazotróficos (*nifH*), observou-se comunidades claramente diferenciadas entre P1 e P3 (R Statistic = 0,941; $p < 0,01$), e com pouca dissimilaridade entre P1 e P2 (R Statistic = 0,213; $p < 0,05$). E para AOB, observou-se diferenças significativas entre P1 e P2 (R Statistic = 0,77; $p < 0,01$), apresentando comunidades distintas mesmo ambas estando sob condições adversas da desertificação. Comunidades com pouca dissimilaridade foram identificadas nas comparações entre P1 x P3 (R Statistic = 0,388; $p > 0,01$) e entre P2 x P3 (R Statistic = 0,245; $p < 0,05$).

Figura 19 - Escalonamento multidimensional (MDS) para os genes ribossomais do 16S rRNA (bactérias totais) e 18S rRNA (fungos totais), e para os genes funcionais *nifH* (diazotróficos) e *amoA* (AOB) (bactérias amônio oxidantes) em perfis de Luvisolos sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano. Os símbolos representam os horizontes



Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente.

Tabela 5 - Valores de R Statistic do teste de pareamento da análise de similaridade baseados nos perfis da eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE) do gene 16S rRNA (bactéria total), 18S rRNA (fungo total), *amoA* (AOB) (bactérias amônio oxidantes), e *nifH* (diazotróficos) em Luvisolos sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

PERFIL	R Statistic			
	16S rRNA	18S rRNA	<i>nifH</i>	<i>amoA</i>
P1 vs P2	0,097 ^{ns}	0,081 ^{ns}	0,213*	0,77**
P1 vs P3	0,143*	0,773**	0,914**	0,388**
P2 vs P3	0,2*	0,858**	0,698**	0,245*

4.3.2 Abundância das comunidades microbianas (Real Time – qPCR)

Bactérias apresentaram-se mais abundantes na condição em desertificada (P2) sendo o número de cópias do gene do 16S rRNA por grama de solo de 6,48E+10. O horizonte A contribuiu com 92% do total. Valores médios de abundância bacteriana (16S rRNA) no P1 decresceram em função da profundidade, contudo, apresentou perda significativa no horizonte diagnóstico Bt (2,64% do total estimado). O horizonte A1 (1,38E+10), diferiu significativamente ($p < 0,05$) do Bt1 (4,08E+08) e do C1 (1,26E+09). P2 e P3 não diferem entre si ($p > 0,05$). O horizonte A detém maior abundância de comunidades de bactérias independentemente do nível de desertificação ou em condição preservada, estimando-se 1,38E+10, 5,96E+10 e 4,10E+10, em A1, A2 e A3, respectivamente. Além disso, foi observado uma redução significativa do número de cópias para bactérias totais com aumento da profundidade, ou seja, na transição para o horizonte posterior Bt ou BA.

Tabela 6 – Abundância do gene ribossomal 16S rRNA (bactérias totais) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

16S rRNA				
Perfil	Horizonte	Prof. (cm)	Média cópias/g solo	Desvio Padrão
P1	A1	0 - 8	1,38E+10 a	9,99E+09
	Bt1	8 - 30	4,08E+08 c	4,00E+08
	C1	30 - 42	1,26E+09 b	1,06E+09
P2	A2	0 - 9	5,96E+10 a	4,18E+10
	Bt2	9 - 40	1,11E+09 b	1,34E+09
	C2	40 - 53	4,08E+09 b	2,76E+09
P3	A3	0 - 12	4,10E+10 a	1,45E+10
	BA3	12 - 25	5,93E+09 b	8,65E+08
	Bt3	25 - 48	1,47E+09 b	6,21E+08
	BC3	48 - 70	1,01E+09 b	3,90E+08

Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Os números de cópias apresentados representam a média aritmética (n = 6). A mesma letra em cada perfil não difere estatisticamente (p > 0,05).

Embora a qPCR seja um método sensível, não foi possível quantificar as comunidades fúngicas nos horizontes Bt1, C1 e C2, não sendo possível avaliar a influência dos horizontes na abundância de fungos (Tabela 7). Na área de referência (P3), a abundância da comunidade não se diferenciou em função do aprofundamento do perfil, A = BA = Bt (p > 0,05). Sendo observada maior abundância no horizonte Bt3, com média desvio e padrão do número de cópias de $1,57E+13 \pm 2,63E+13$, evidenciando grande dispersão dos dados. E quando comparado, em termos absolutos, os horizontes A das três áreas, notou-se que o P3 também deteve maior abundância fúngica ($1,57E+13$).

Tabela 7 – Abundância do gene ribossomal 18S rRNA (fungos totais) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

18S rRNA				
Perfil	Horizonte	Prof. (cm)	Média cópias/g solo	Desvio Padrão
P1	A1	0 - 8	2,22E+10	1,47E+10
	Bt1	8 - 30	ND	-
	C1	30 - 42	ND	-
P2	A2	0 - 9	3,09E+09	4,65E+08
	Bt2	9 - 40	9,35E+07	-
	C2	40 - 53	ND	-
P3	A3	0 - 12	2,79E+10 a	1,53E+10
	BA3	12 - 25	5,51E+09 a	3,53E+14
	Bt3	25 - 48	1,57E+13 a	2,63E+13
	BC3	48 - 70	6,47E+09	-

Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Os números de cópias apresentados representam a média aritmética (n = 6). A mesma letra em cada perfil não difere estatisticamente (p > 0,05). ND: não detectado.

Não foi possível mensurar a abundância da comunidade diazotrófica nos horizontes Bt1 e C1 do perfil desertificado (Tabela 8), De modo geral, é possível inferir que houve redução significativa em termos de abundância diazotrófica em função da desertificação, sendo registrada P3 (1,58E+12) > P2 (6,79E+11) > P1 (1,53E+11) (p < 0,05). Para os perfis P2 e P3, o horizonte superficial A apresentou maior abundância de bactérias fixadoras de N (6,00E+11 e 8,71E+11, respectivamente), diferindo do horizonte textural Bt e do transicional BA (P3) (p < 0,05). Contudo, apenas com o horizonte A, o P1 apresentou abundância considerável de bactérias fixadoras de nitrogênio.

Tabela 8 – Abundância do gene funcional *nifH* (diazotróficos) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

<i>nifH</i>				
Perfil	Horizonte	Prof. (cm)	Média cópias/g solo	Desvio Padrão
P1	A1	0 - 8	1,53E+11	1,62E+10
	Bt1	8 - 30	ND	-
	C1	30 - 42	ND	-
P2	A2	0 - 9	6,00E+11 a	1,42E+11
	Bt2	9 - 40	4,02E+10 b	1,23E+10
	C2	40 - 53	3,86E+10 b	3,96E+09
P3	A3	0 - 12	8,71E+11 a	3,18E+10
	BA3	12 - 25	5,98E+11 b	1,30E+11
	Bt3	25 - 48	6,73E+10 c	2,10E+10
	BC3	48 - 70	4,58E+10 c	3,63E+10

Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Os números de cópias apresentados representam a média aritmética (n = 6). A mesma letra em cada perfil não difere estatisticamente (p > 0,05). ND: não detectado.

A maior abundância do gene *amoA* (AOB) foi identificada nos perfis P2 (2,68E+12) e P3 (4,38E+12), os quais não diferem entre si (p > 0,05), mas ambos diferem do perfil desertificado (5,49E+11) (Tabela 9). Para as três condições, o horizonte superficial A apresentou maior abundância de bactérias amônio oxidantes (P1 = 3,59E+11; P2 = 2,12E+12; e P3 = 3,07E+12), diferindo do horizonte textural Bt (p < 0,05), e em particular no P3 o horizonte transicional entre o A3 e o Bt3, o horizonte BA3 também diferiu do horizonte A. Além disso, destaca-se que em P1, o horizonte A1 apresenta similaridade em termos de abundância com C1 (p > 0,05).

Tabela 9 – Abundância do gene funcional *amoA* (AOB – Bactéria amônio oxidante) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

<i>amoA</i> (AOB)				
Perfil	Horizonte	Prof. (cm)	Média cópias/g solo	Desvio Padrão
P1	A1	0 - 8	3,59E+11 a	4,86E+11
	Bt1	8 - 30	5,22E+10 a	1,11E+10
	C1	30 - 42	1,38E+11 a	6,40E+09
P2	A2	0 - 9	2,12E+12 a	1,37E+12
	Bt2	9 - 40	3,69E+11 b	3,77E+11
	C2	40 - 53	1,86E+11 b	1,59E+11
P3	A3	0 - 12	3,07E+12 a	5,50E+11
	BA3	12 - 25	6,12E+11 b	2,51E+11
	Bt3	25 - 48	5,10E+11 b	4,16E+11
	BC3	48 - 70	1,85E+11 b	1,07E+11

Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Os números de cópias apresentados representam a média aritmética (n = 6). A mesma letra em cada perfil não difere estatisticamente (p > 0,05).

Na Tabela 10 estão apresentado os valores médios de abundância do gene *phoD*. Em linhas gerais, foi observado que na comparação entre perfis que P1 (2,35E+11) e P2 (6,49E+11) são estatisticamente iguais (p > 0,05), e ambos diferem do perfil referência, P3 (1,61E+12). Na avaliação entre horizontes de um mesmo perfil, é perceptível que em P1, a abundância de mineralizadores de P diferiram ao longo do perfil (p < 0,05), sendo A1 (1,53E+11) maior que Bt1 (4,03E+10). Do mesmo modo foi identificada em P2 maior abundância no horizonte A2 (4,88E+11), diferindo do Bt2 (3,94E+10) (p < 0,05). Já em P3, pela existência do horizonte transicional BA3, foi observada que a abundância registrada no A3 (1,20E+12) difere do BA3 (2,77E+11) (p > 0,05). BA3 difere de Bt3 (8,14E+10) (p > 0,05) e, Bt3 é igual a BC3 (5,39E+10) (p > 0,05).

Para todos os genes avaliados, bactérias totais (16S rRNA), fungos totais (18S rRNA), diazotróficos (*nifH*), bactérias amônio oxidantes (*amoA* – AOB) e mineralizadores de P (*phoD*), é possível perceber que existe uma redução significativa em termos de abundância com o aumento da profundidade.

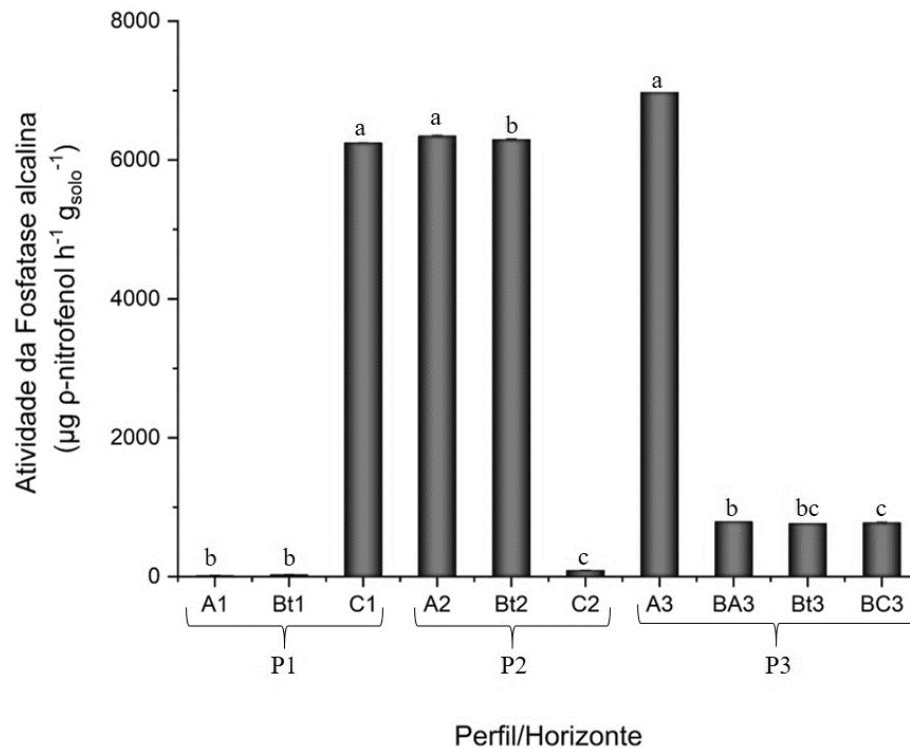
Tabela 10 – Abundância do gene funcional *phoD* (mineralização de P) em perfis de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

<i>phoD</i>				
Perfil	Horizonte	Prof. (cm)	Média cópias/g solo	Desvio Padrão
P1	A1	0 - 8	1,53E+11 a	1,31E+11
	Bt1	8 - 30	4,03E+10 b	1,72E+10
	C1	30 - 42	4,16E+10 b	1,47E+10
P2	A2	0 - 9	4,88E+11 a	3,60E+11
	Bt2	9 - 40	3,94E+10 b	2,30E+10
	C2	40 - 53	1,22E+11 a	7,26E+10
P3	A3	0 - 12	1,20E+12 a	4,76E+11
	BA3	12 - 25	2,77E+11 b	2,67E+11
	Bt3	25 - 48	8,14E+10 c	6,38E+10
	BC3	48 - 70	5,39E+10 c	1,35E+10

Os números após a identificação dos horizontes indicam o perfil: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Os números de cópias apresentados representam a média aritmética (n = 6). A mesma letra em cada perfil não difere estatisticamente (p < 0,05).

Nas áreas vegetadas, P2 e P3, identificou-se maior atividade da fosfatase alcalina no horizonte superficial A, 6.344,41 e 6.970,30 $\mu\text{g } \rho\text{-nitrofenol h}^{-1} \text{ g solo}^{-1}$, respectivamente, diferindo significativamente do horizonte subjacente (Figura 20). Esse comportamento contrasta com o observada na área de solo exposto (P1), na qual foi registrada maior atividade no horizonte C1 (6.243,32 $\mu\text{g } \rho\text{-nitrofenol h}^{-1} \text{ g solo}^{-1}$), diferindo do horizonte superficial. Valores médios registrados indicam que sob condições favoráveis, os genes de solubilizadores e mineralizadores são ativados e, a enzima (Fosfatase) é excretada quando em baixos teores de fósforo estão disponíveis no meio.

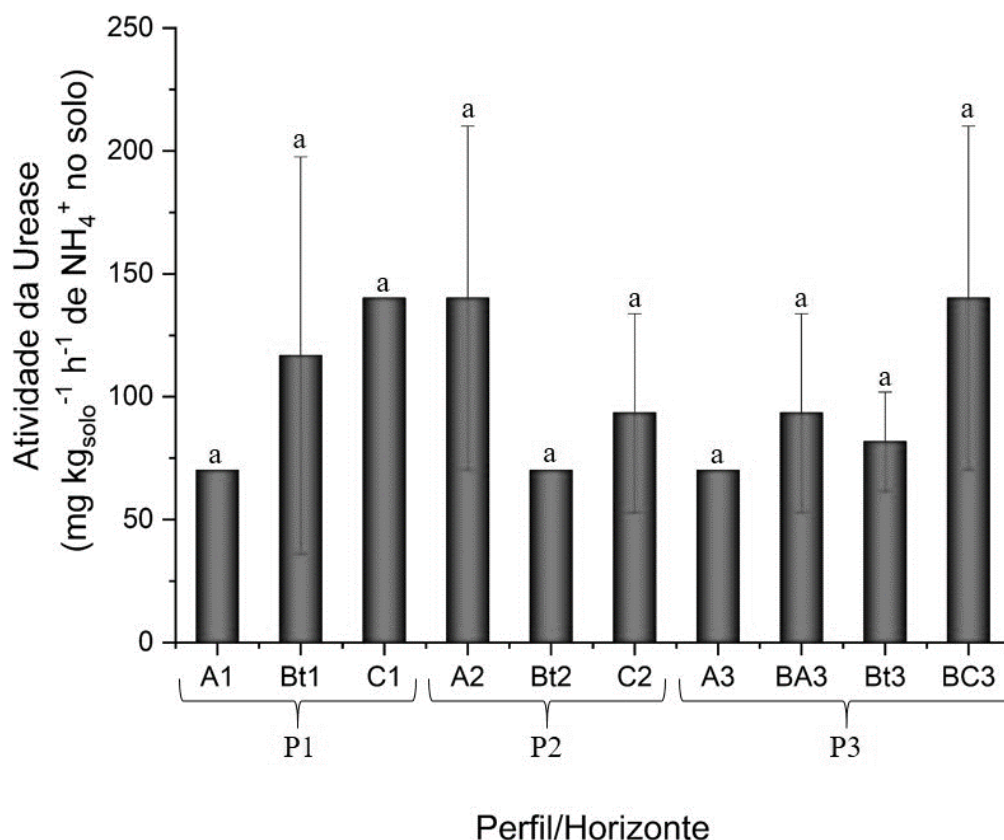
Figura 20. Atividade da fosfatase alcalina nos diferentes horizontes em perfis de Luvissole crômico sob diferentes níveis de desertificação



Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Valores médios de três repetições. Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

A atividade da Urease foi mensurada visando avaliar parcialmente a ciclagem do N. Não foi observado um padrão em razão dos diferentes horizontes do perfil de Luvissole independentemente do nível de desertificação. Valores médios da atividade da urease variaram entre 70,03 a 210,10 mg kg⁻¹ solo h⁻¹. Não foi identificado diferença significativa na comparação dos horizontes dentro de um mesmo perfil (Figura 21).

Figura 21. Atividade da urease nos diferentes horizontes em perfis de Luvissole crômico sob diferentes níveis de desertificação

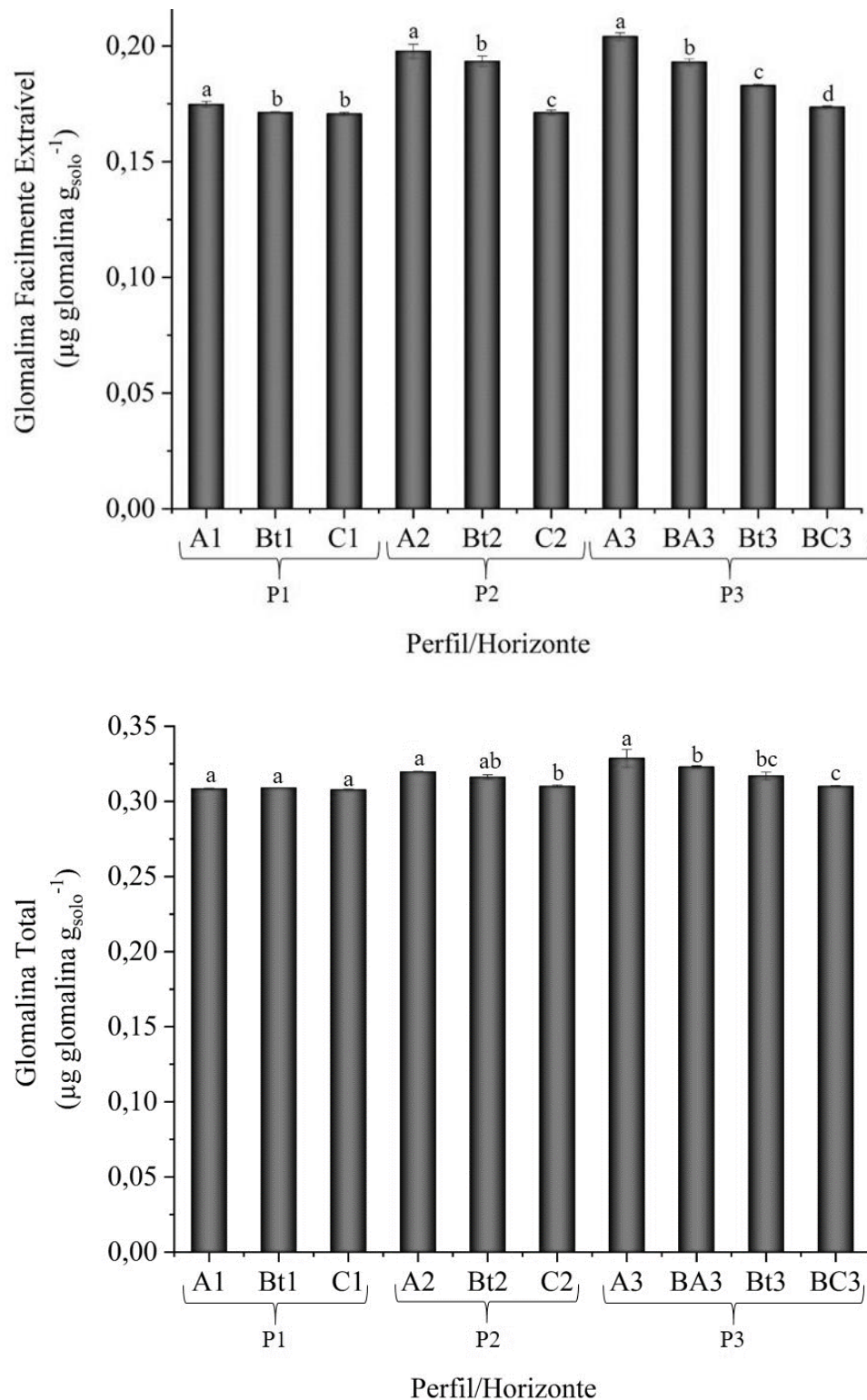


Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Valores médios de três repetições. Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

A partir do fracionamento da glomalina extraível por Bradford obteve-se a glomalina facilmente extraível por Bradford e a glomalina total. Assim, foi possível perceber que a desertificação influenciou mais a fração glomalina total, apresentando pequena amplitude de variação (0,3072 a 0,31955 μg glomalina g^{-1} solo) nos diferentes horizontes dos Luvissoles estudados (Figura 22). Já a fração facilmente extraível se apresentou significativamente superior no horizonte superficial (A) dos três perfis de Luvissole estudados. E por não ter sido identificado grandes variações na glomalina total, é possível inferir que, de fato a glomalina se mantém resiliente em subsuperfície.

Condições edafoclimáticas e a presença e tipo de vegetação influenciam a quantidade de glomalina produzida pelos fungos micorrízicos arbusculares, logo, os resultados encontrados destoam do esperado, que seria identificar grandes variações entre os níveis de desertificação.

Figura 22. Quantificação da glomalina facilmente extraível por Bradford e da glomalina total nos diferentes horizontes em perfis de Luvissole crômico sob diferentes níveis de desertificação



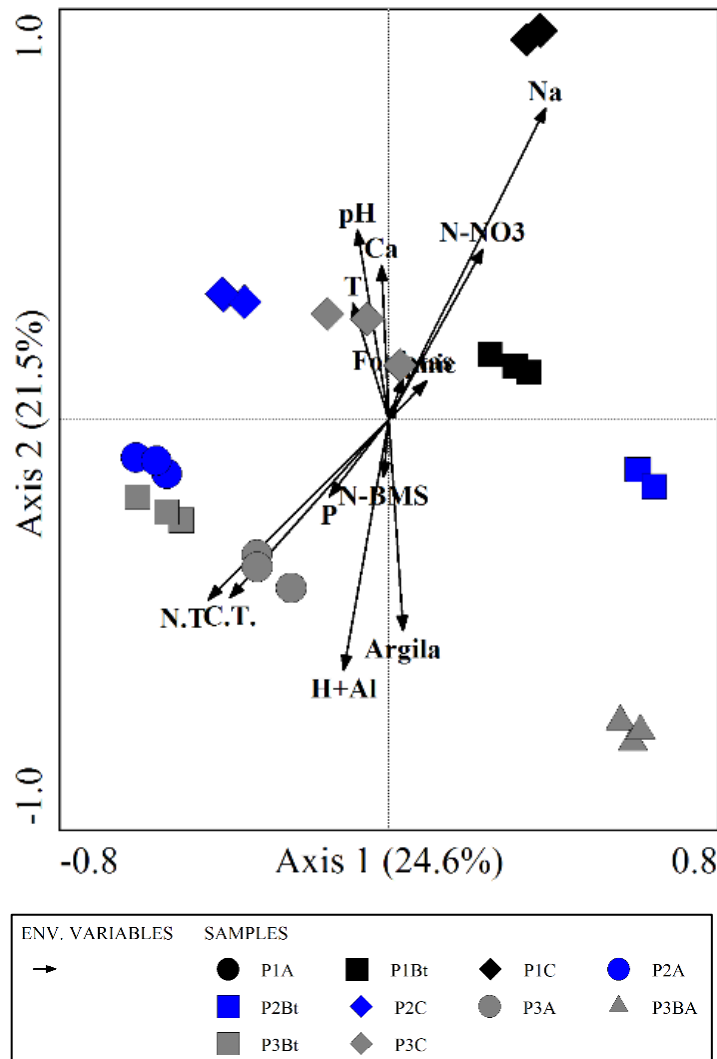
Os números após a identificação dos horizontes indicam: A1 – Horizonte A do P1, A2 – Horizonte A do P2 e A3 o Horizonte A do P3 e assim sucessivamente. Valores médios de três repetições. Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

A partir da Figura 23 são apresentados os resultados das análises multivariadas entre genes e variáveis ambientais (físicas, químicas e microbiológicas). Como destacado no material e métodos, o tipo de ordenamento procedido foi baseado na análise de correspondência destendenciada (distribuição dados), resultando em ora por análise de redundância (RDA) ora por análise de correspondência canônica. Sendo graficamente expressas apenas as variáveis ambientais explicativas (VAE).

Para a comunidade de bactérias totais, os dois primeiros eixos da RDA explicaram 46,1% da variação dos dados. O teor de Na^+ ($\lambda_1 = 0,20$, p value = 0,002), nitrato (NO_3^-) ($\lambda_1 = 0,13$, p value = 0,002) e fosfatase alcalina ($\lambda_1 = 0,04$, p value = 0,002) adicionado ao quociente microbiano ($\lambda_1 = 0,13$, p value = 0,008) explicaram o perfil da comunidade em Luvisolo crômico desertificado – P1, a qual diferiu significativamente de acordo com a profundidade (horizontes) (Figura 23). Importante destacar que o horizonte A1 desse perfil foi removido da RDA pois não foi possível obter amplificação bacteriana, o que resultou em uma DGGE sem bandejamento.

Para as áreas vegetadas, P2 e P3, foi possível perceber uma clara distinção entre comunidades presentes nos horizontes A e Bt se comparadas ao horizonte C2 e BC3, respectivamente. Nos horizontes superficiais A2, A3 e Bt3 o perfil bacteriano foi regido pelo C.T. ($\lambda_1 = 0,11$, p value = 0,002), N.T. ($\lambda_1 = 0,12$, p value = 0,002), P ($\lambda_1 = 0,04$, p value = 0,002), N-BMS ($\lambda_1 = 0,12$, p value = 0,002) e H + Al ($\lambda_1 = 0,15$, p value = 0,024). Já no Bt2 pelo teor de argila ($\lambda_1 = 0,12$, p value = 0,006).

Figura 23 – Análise de redundância (RDA) entre perfil ribossomal (16S rRNA) e características ambientais, para amostras de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

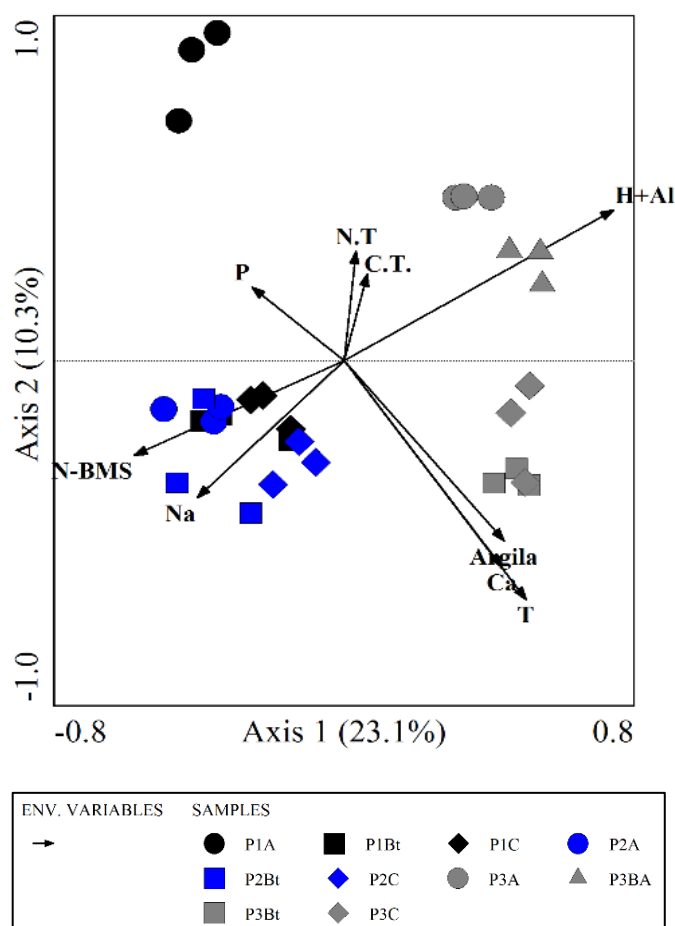


Setas indicam correlação entre parâmetros ambientais e estrutura bacteriana. Os parâmetros ambientais apresentados foram escolhidos com base na correlação significativa avaliada por meio do teste de permutação de Monte Carlo ($P < 0,05$). N-BMS = nitrogênio da biomassa microbiana; P = fósforo; Argila = teor de argila; H + Al = acidez potencial do solo; N.T. = nitrogênio total; C.T. = carbono total; Na = sódio trocável (Na^+); N-NO₃ = nitrato (NO_3^-); pH = acidez ativa; Ca = cálcio trocável (Ca^{2+}); T = capacidade de troca catiônica pH 7,0; Fosfatas = fosfatase alcalina; qmic = quociente microbiano.

Os dois primeiros eixos da análise de redundância (RDA) do 18S rRNA explicaram 33,4% da variação total dos dados. O perfil da comunidade fúngica diferiu significativamente quanto ao nível de desertificação e profundidade (horizontes) em Luvisolos crômicos sob Caatinga, entre as áreas ($R = 0,714$; $p < 0,05$). A RDA resultou em agrupamento dos solos primeiramente de acordo com o nível de desertificação, seguido de separação dos horizontes em superficiais e subsuperficiais (Figura 24). Os horizontes A3 e BA3 do P3 apresentaram como variáveis ambientais significativas para determinação da comunidade de fungos os teores

totais de N ($\lambda_1 = 0,05$, p value = 0,024) e C ($\lambda_1 = 0,06$, p value = 0,002) e, a acidez potencial do solo ($\lambda_1 = 0,16$, p value = 0,002). Já em subsuperfície, nos horizontes Bt3 e BC3 (C), o teor de argila ($\lambda_1 = 0,09$, p value = 0,002), Ca^{2+} ($\lambda_1 = 0,01$, p value = 0,014), e a CTC (pH = 7,0) ($\lambda_1 = 0,12$, p value = 0,002) moldaram significativamente a comunidade. Em P1, o teor de P ($\lambda_1 = 0,05$, p value = 0,028) favoreceu a comunidade no horizonte A, e o Na^+ ($\lambda_1 = 0,08$, p value = 0,002) e N-BMS ($\lambda_1 = 0,12$, p value = 0,002) nos horizontes Bt e C. E em P2, apenas o teor de Na^+ ($\lambda_1 = 0,08$, p value = 0,002) e a estimativa de N-BMS ($\lambda_1 = 0,12$, p value = 0,002) determinaram a estrutura da comunidade ao longo de todo o perfil do solo.

Figura 24 – Análise de redundância (RDA) entre perfil ribossomal (18S rRNA) e variáveis ambientais, para amostras de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano

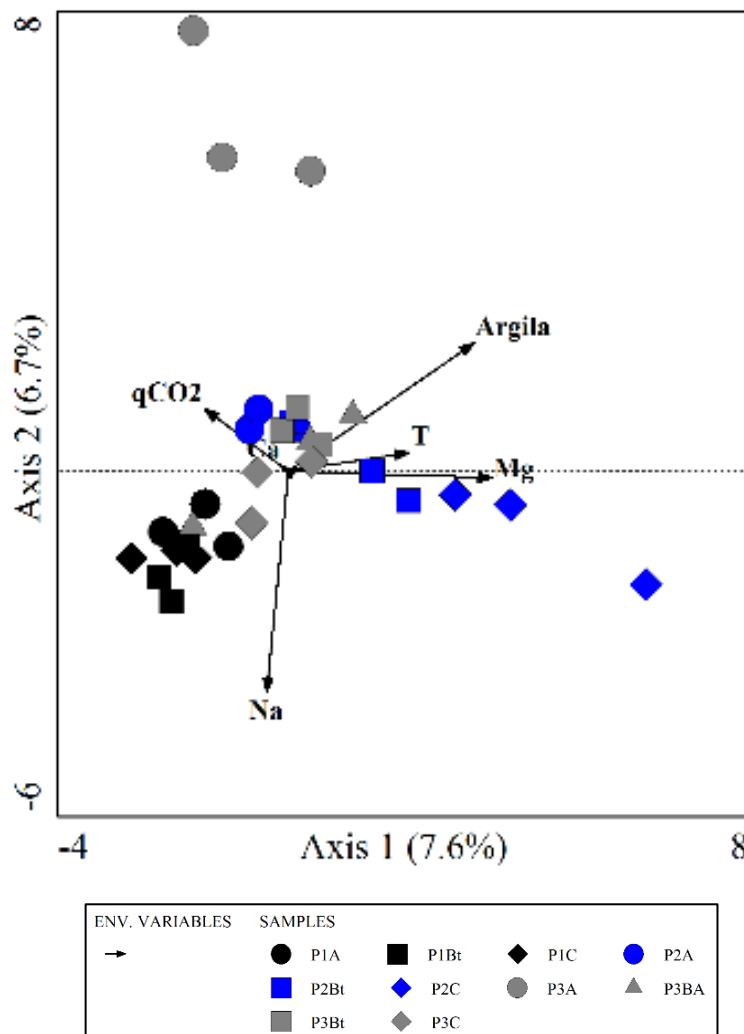


Setas indicam correlação entre parâmetros ambientais e estrutura da comunidade fúngica. Os parâmetros ambientais apresentados foram escolhidos com base na correlação significativa avaliada por meio do teste de permutação de Monte Carlo ($P < 0,05$); N-BMS = nitrogênio da biomassa microbiana; Na = sódio trocável (Na^+); P = fósforo, N.T. = nitrogênio total; C.T. = carbono total; T = capacidade de troca catiônica pH 7,0; Argila = teor de argila; Ca = cálcio trocável (Ca^{2+}); H + Al = acidez potencial do solo.

Os dois primeiros eixos da análise de correspondência canônica (CCA) do gene *amoA* (AOB) explicaram 14,3% da variação total dos dados (Figura 25). O perfil da comunidade de bactérias amônio oxidantes diferiu significativamente quanto ao nível de desertificação em Luvisolos crômicos, entre P1 e P2 ($R = 0,446$; p value = 0,001). Contudo, pouca dissimilaridade foi observada quando comparado P1 com P3 ($R = 0,388$; p value = 0,001), e P2 com P3 ($R = 0,245$; p value = 0,012), indicando que a desertificação pouco influenciou nas distinções entre comunidades bacterianas amônio oxidantes. É possível observar na Figura 22 que a estrutura da comunidade de AOB se correlaciona com o teor de Na^+ , Mg^{2+} , Ca^{2+} , CTC (pH 7,0) – T, teor de argila e $q\text{CO}_2$ de forma significativa ($p < 0,05$).

Na área desertificada, o teor de Na^+ ($\lambda_1 = 0,052$, p value = 0,004) determinou a estrutura da comunidade ao longo de todo o perfil de solo. Na área em processo de desertificação (P2) e referência (P3), para o horizonte superficial A, o teor de Ca^{2+} ($\lambda_1 = 0,047$, p value = 0,002) e $q\text{CO}_2$ ($\lambda_1 = 0,036$, p value = 0,030) apresentaram efeito significativo sobre a comunidade de AOB. Em subsuperfície, o teor de argila ($\lambda_1 = 0,050$, p value = 0,004) e T (CTC pH 7,0) ($\lambda_1 = 0,046$, p value = 0,002) moldaram significativamente a comunidade no horizonte BC3 (C) do P3, e o teor de Na^+ ($\lambda_1 = 0,052$, p value = 0,004) no horizonte C do P2. No horizonte Bt do P2, a comunidade foi significativamente favorecida pelo teor de Mg^{2+} ($\lambda_1 = 0,050$, p value = 0,002) enquanto no horizonte Bt do P3 não houve uma separação clara a ponto de identificar variáveis que determinaram a comunidade.

Figura 25 – Análise de correspondência canônica (CCA) entre perfil funcional (*amoA* - AOB) e variáveis ambientais, para amostras de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano



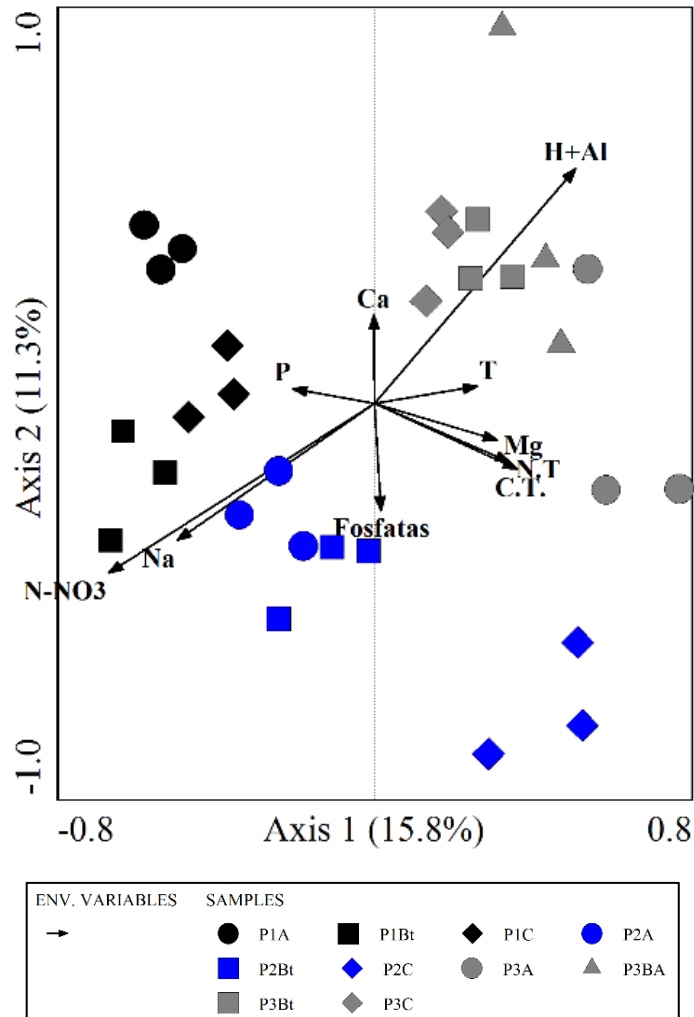
Setas indicam correlação entre parâmetros ambientais e estrutura de bactérias amônio oxidantes. Os parâmetros ambientais apresentados foram escolhidos com base na correlação significativa avaliada por meio do teste de permutação de Monte Carlo ($P < 0,05$); qCO_2 = quociente metabólico; Na = sódio trocável (Na^+); Argila = teor de argila; T = capacidade de troca catiônica (pH 7,0); Mg = magnésio trocável (Mg^{2+}).

Os dois primeiros eixos da análise de redundância (RDA) do gene *nifH* explicaram 27,1% da variação total dos dados. O perfil da comunidade diazotrófica diferiu significativamente quanto ao nível de desertificação e profundidade (horizontes) em Luvisolos crômicos sob caatinga, entre as áreas ($R = 0,665$; $p < 0,01$). A RDA resultou em agrupamento dos solos primeiramente de acordo com o *status* em desertificação e preservada, seguido de separação dos horizontes em superficiais e subsuperficiais (Figura 26). Na comparação entre as áreas foi observado que P1 e P2 apresentaram pouca dissimilaridade entre as comunidades

diazotróficas ($R = 0,213$; $p < 0,05$) e, entre P1 e P3 ($R = 0,941$; $p < 0,01$) e entre P2 e P3 ($R = 0,698$; $p < 0,01$), comunidades claramente distintas.

Em P1, o teor de P disponível ($\lambda_1 = 0,06$, p value = 0,010) determinou significativamente a comunidade de diazotróficos no horizonte superficial A1, já para o Bt1 e C1 o teor de Na^+ ($\lambda_1 = 0,01$, p value = 0,014) e N-NO_3^- ($\lambda_1 = 0,01$, p value = 0,014). Em P2, o teor de Na^+ ($\lambda_1 = 0,01$, p value = 0,014) e N-NO_3^- ($\lambda_1 = 0,01$, p value = 0,014) determinou significativamente o perfil comunitário de nitrificantes em A2 e Bt2. E fosfatase alcalina ($\lambda_1 = 0,05$, p value = 0,036), C.T. ($\lambda_1 = 0,08$, p value = 0,002), N.T. ($\lambda_1 = 0,08$; p value = 0,008) e Mg^{2+} ($\lambda_1 = 0,08$, p value = 0,002) a comunidade no horizonte C2. Por fim, em P3 o horizonte superficial A3 apresentou como variáveis ambientais significativas as mesmas que determinaram o horizonte C2 do P2. Já em subsuperfície, nos horizontes BA3, Bt3 e BC3 (C), a acidez potencial (H + Al) ($\lambda_1 = 0,10$, p value = 0,002) e a CTC (pH = 7,0) ($\lambda_1 = 0,07$, p value = 0,002) moldaram significativamente a comunidade.

Figura 26 – Análise de redundância (RDA) entre perfil funcional (*nifH* – Diazotróficos) e variáveis ambientais, para amostras de Luvisolos e seus respectivos horizontes, sob diferentes níveis de desertificação do Semiárido Pernambucano



Setas indicam correlação entre parâmetros ambientais e estrutura da comunidade diazotrófica. Os parâmetros ambientais apresentados foram escolhidos com base na correlação significativa avaliada por meio do teste de permutação de Monte Carlo ($P < 0,05$); N-NO_3^- = nitrato; Na = sódio trocável (Na^+); P = fósforo; Ca = cálcio trocável (Ca^{2+}); H + Al = acidez potencial do solo; T = capacidade de troca catiônica pH 7,0; Mg = Magnésio trocável (Mg^{2+}); N.T. = nitrogênio total; C.T. = carbono total; Fosfatas = fosfatase alcalina.

5 DISCUSSÃO

5.1 Atributos químicos e físicos do solo

O efeito dos processos da desertificação foi percebido apenas para alguns atributos do solo, apresentando diferenças significativas em função dos horizontes e das áreas. De modo geral, a área preservada (P3) apresentou atributos químicos e físicos que favorecem o

desenvolvimento vegetal. A área em processo de desertificação (P2), permeia entre as duas condições, referência e desertificada. E a área desertificada (P1) apresentou os menores teores de bases essenciais, condição desfavorável ao desenvolvimento de plantas, portanto, não mais conseguem se reestabelecer. Essa mesma observação já fora realizada por Martins et al. (2010) comparando diferentes níveis de desertificação no município Floresta (PE), inserido no mesmo Núcleo de desertificação, Cabrobó.

O grande diferencial entre os trabalhos foi a profundidade de coleta, ou seja, maior detalhamento dos atributos em função dos horizontes pedogenéticos. Martins et al. (2010) definiram 0–10 cm como camada amostral, justificada pelo objetivo de avaliar a sazonalidade (período seco e chuvoso) de atributos físicos, químicos e microbianos de Luvisolos em um gradiente de degradação. Atentando-se para os achados de Xavier et al. (2019), que categorizou os Luvisolos como ordem que apresenta erodibilidade média e alta devido a sua permeabilidade lenta, as coletas em camadas podem não corresponder a um mesmo horizonte, haja vista, que a erosão culminando em perdas de solo, carreiam o fino horizonte superficial. Como o objetivo do presente trabalho foi caracterizar o perfil do solo como um todo, procedeu-se coletas por horizontes diagnósticos, identificados e classificados em campo, para enfim apresentar uma discussão mais ampla, inferindo sobre as propriedades de forma mais ampla no bioma Caatinga.

Os Luvisolos são tipicamente solos que apresentam boa fertilidade natural, mas quando manejados de forma inapropriada ou impostos às condições adversas podem apresentar alterações significativas na saturação por bases. Destaca-se aqui o acúmulo de Na^+ em subsuperfície Bt1 e C1, no perfil desertificado, os quais apresentaram os maiores teores de toda a amostragem. Entretanto, também é possível observar que existe um incremento de Ca^{2+} e Mg^{2+} nos mesmos horizontes, o que segundo Rengasamy, Tavakkoli e McDonald (2016) elimina o efeito dispersante do sódio nas argilas pela inclusão de carga floculante. Sendo importante destacar que todas as amostras não deformadas coletadas para mensurar a Ds foram torrões nos três horizontes do P1 (A1, Bt1, C1), o que comprova a amenização do efeito dispersante do sódio quando na presença de Ca^{2+} e Mg^{2+} .

Bongue et al. (2019) apontaram a salinização como processo diretamente relacionado à perda da qualidade do solo, pois promovem a dispersão de partículas coloidais e a desestruturação dos agregados, reduzindo a sua capacidade de sustentar o crescimento de vegetais. Mesmo que por muito tempo tenha se discutido a dispersão pelo percentual de saturação por sódio e pela relação de adsorção de sódio, Farahani et al. (2019) demonstraram que o K também pode afetar a estrutura do solo por causa de uma mudança na seletividade de

cátions, aumentando as forças repulsivas entre as partículas de argila. Concluindo que a falta de informação sobre a associação entre as propriedades químicas e físicas do solo emana a necessidade de mais investigações para esclarecer as relações entre argila dispersível e carga dispersiva líquida com as propriedades estruturais. Contudo, baixos teores de K^+ foram registrados nos Luvisolos do presente estudo.

Os processos de desertificação, de fato, culminaram em redução no teor de carbono total na área desertificada (P1) em sua porção superficial, horizonte A1, apresentando-se três vezes menor quando comparado às áreas vegetadas. Perez-Marin et al. (2012) apontaram a erosão como fonte principal de degradação da vegetação e do solo, removendo o horizonte superficial ou parte dele pela erosão laminar e erosão linear. Aqui, não se sabe ao certo se houve retirada da vegetação ou se as condições impostas pela aridez propiciaram à condição de solo exposto. Entretanto, os achados de Francisco et al. (2019) avaliando a bacia hidrográfica do Alto Rio Paraíba, apontaram para a deflorestação de ambientes essencialmente frágeis, como a Caatinga, como indutora da erodibilidade do solo. Destacando os Luvisolos crômicos como ordem representativa do percentual categorizado como de alta erodibilidade.

O teor de nitrogênio total ainda se mantém significativamente superior no horizonte A para os três estados, desertificado, em desertificação e preservado, contudo baixos teores foram registrados em subsuperfície. Dada essa baixa concentração é possível inferir que pequenas mudanças nas características químicas, físicas e microbiológicas podem exercer forte influência na mineralização enzimática e imobilização (armazenamento) de N no solo, em contraponto, fica compreendido a extensão do controle microbiano na ciclagem de N em terras secas (FENG et al., 2018). Os maiores teores de N no horizonte A das três áreas podem ser explicados pela fixação biológica de nitrogênio, como observado pela avaliação da abundância do gene funcional *nifH*, a qual reduz em profundidade.

Grande diversidade de espécies vegetais da família Fabaceae são comumente registradas nos levantamentos fitossociológicos em fragmentos de Caatinga (GOMES, 2019). Conhecido o potencial de associação simbiótica com micro-organismos diazotróficos e a capacidade de fixação biológica de nitrogênio atmosférico, é esperado que os teores de N no solo sejam assegurados (SILVA et al., 2017). Compilando dados disponíveis na literatura, Zinn, Marrenjo e Silva (2019) não observaram diferenças significativas no teor de N na camada de 20-40 cm, sob diferentes usos da terra, mesmo após a conversão de áreas nativas.

Os proporcionais teores de carbono e nitrogênio total implicaram em baixas relações C/N que, de certo modo, são positivas para o desenvolvimento vegetal pois, nessa amplitude favorece a disponibilidade de nutrientes pela mineralização em detrimento da imobilização.

Embora seja um indicador de qualidade de solos bastante utilizado, pouco se sabe sobre alterações de seu padrão em função da conversão de áreas nativas em agrícolas (ZINN; MARRENJO; SILVA, 2018). Ao compilar dados disponíveis na literatura e calcular a porcentagem de alteração nas relações, Zinn, Marrenjo e Silva (2018), concluíram que as mudanças no uso da terra no Brasil não apresentam efeito significativo nas relações C/N do solo. No entanto, quando impõe mudança, o impacto na fertilidade e qualidade do solo deverá ser avaliado de forma isolada, com as respectivas concentrações de COT e N.

As variações registradas na classe textural dos solos devem ser atribuídas à erosão e/ou aos índices de intemperismo, uma vez que, ao avaliar a gênese destes solos, Silva (2018) não observou a ocorrência de translocação de argila, o que levou a hipotetizar que dentre os processos envolvendo a fração argila, a formação *in situ* (argilação) predominava.

Nos últimos anos, face às mudanças climáticas, estimativas dos estoques de C são frequentemente levantadas nos mais diversos reservatórios, por exemplo, marinho (VANDERKLIFT; GORMAN; STEVEN, 2019), solo florestal (LIU et al., 2019) e biomassa vegetal (BOURIAUD et al., 2019). A compreensão dos impactos da mudança do uso da terra no estoque de carbono orgânico do solo após a conversão de áreas nativas é essencial pois, trata-se de um importante serviço ecossistêmico (SHIFERAW; YIMER; TUFFA, 2019). Entretanto, existe uma lacuna de conhecimento quanto ao impacto da desertificação no estoque de carbono e nitrogênio do solo em regiões semiáridas, principalmente no que tange ao solo subsuperficial.

No Núcleo de Desertificação de Cabrobó (PE) foi observado ao estratificar os horizontes de dois Luvisolos crômicos sob níveis de desertificação, que o horizonte diagnóstico Bt (8 -30 cm) apresentava maior armazenamento de C e N total. Além disso, que significativa redução ocorria no horizonte A (0 - 8 cm) quando comparada à Caatinga preservada, com solo oriundo de mesmo material de origem, sob mesmo relevo, com pequeno gradiente de precipitação, fora do núcleo, ou seja, o carbono não é distribuído uniformemente no perfil vertical do solo.

Avaliando solos de ecossistemas florestais da Caatinga no Brasil, Schulz et al. (2016) também observaram redução significativa dos estoques de carbono nos 5 cm superiores do solo, quando da conversão de áreas nativas em pastagens. Esta semelhança permite duas reflexões: 1 – o manejo atual de pastagens não respeitam a capacidade suporte dos ambientes na região Semiárida pernambucana, refletindo em perda da resiliência ambiental e redução dos estoques de carbono no solo; 2 – a desertificação, embora aqui não classificada em primária ou secundária, atua intensamente nos horizontes superficiais, os quais ficam diretamente expostos aos agentes intempéricos, como a erosão.

Das áreas inseridas no Núcleo de Desertificação, P1 apresentava solo exposto (sem vegetação) induzindo a acreditar que a vegetação não mais conseguia se estabelecer naturalmente e em P2, baixa densidade vegetal foi registrada, ou seja, bastante espaçada e com desenvolvimento estrutural reduzido. Ambas apresentaram menores estimativas de C e N total considerando todo o perfil do solo, sendo importante destacar que existiam variações na profundidade e espessura dos horizontes, e que na referência existia um horizonte entre o A3 e o Bt3, o horizonte transicional BA3. Uma estimativa foi realizada para Planossolos dentro do mesmo núcleo, comparando uma área vegetada com outra sem vegetação (Neves, 2018), os resultados se aproximam aos registrados aqui. Isto permite inferir que independente da ordem de solo a desertificação promove redução significativa inicialmente no horizonte superficial.

Outro destaque importante é a contribuição do horizonte textural Bt para a estocagem de C, o qual por apresentar maior teor de argila e com estruturas de grau moderada e forte são capazes de associar-se à matéria orgânica durante sua formação. Zheng et al. (2019) avaliando fatores que contribuíam para a estabilidade de agregados em Argissolos, perceberam que a formação de complexos organominerais desempenhavam papel incisivo na estabilidade dos agregados do solo, especialmente nos maiores. Interações entre agentes inorgânicos e orgânicos envolvidos na agregação do solo têm sido avaliadas (ZHAO et al., 2017). Para Roscoe, Mercante e Salton (2006) o C pode encontrar-se protegido entre as estruturas do solo de forma associativa durante a formação dos agregados do solo. Possivelmente tenha ocorrido essa associação nos horizontes Bt dos Luvisolos enquanto ainda existia vegetação abundante no local, o que justificaria sua contribuição para a estimativa do estoque de carbono total nos perfis.

Segundo Gomes et al. (2019), os Luvisolos são naturalmente menos densos em carbono orgânico naturalmente, estimando em $64,5 \text{ Mg ha}^{-1}$ para 100 cm de profundidade. Destoando dos Luvisolos crônicos estudados, nos quais as estimativas variaram de $33,64$ a $90,98 \text{ Mg ha}^{-1}$, para a profundidade 42 cm e 70 cm, respectivamente. Além das diferenças entre as profundidades, cabe destacar que foi procedida a correção para remover da densidade do solo o percentual de frações grosseiras como cascalhos e calhaus (BATJES, 2014).

Limitações impostas pelos procedimentos de amostragem atuais foram destacadas por Wade et al. (2019). Para amostrar carbono do solo visando estimativa ecossistêmica, deve-se também proceder coletas subsuperficiais evitando uma subestimativa dos resultados. Foi demonstrado recentemente que a coleta até 30 cm a partir da superfície subestimaria o carbono do solo em 60% e o carbono do ecossistema em 30% (WADE et al., 2019).

5.2 Atributos microbiológicos em Luvisolos

5.2.1 C, N e P na biomassa microbiana do solo (BMS)

As propriedades químicas do solo ditam as alterações nos estoques de carbono, nitrogênio e fósforo na biomassa microbiana do solo e podem promover mudanças na estrutura da comunidade microbiana. A relação C-BMS/N-BMS, sob condições naturais, tende a diminuir com o aumento da profundidade (BHOPLE et al., 2019). Em geral, é encontrada correlação positiva entre C-BMS e COT, como também entre N-BMS e N.T, mesmo que em diferentes condições, e mesmo que fatores desfavoráveis possam retardar a decomposição microbiana, a relação entre C-BMS e COT não é influenciada (BHOPLE et al., 2019).

Conforme observado por Silva (2018) para a área mais seca do seu trabalho, o horizonte superficial A1 do Luvisolo na área desertificada (P1) deve também possuir estrutura de grau fraca e moderada, o que facilita os processos erosivos que culminam em perda seletiva de argila, implicando em deterioração de atributos químicos do solo. Possivelmente este fato desfavoreceu as comunidades microbianas, e por consequência, reduziu significativamente os estoques de C e N em sua biomassa. Em adição, a sucumbência da vegetação é outro fator que somado a erosão resultou na condição desertificada e redução da estimativa de C e N (BMS). Caso alguma intervenção com vistas à regeneração natural ou recomposição florestal destas áreas fosse adotada, resposta positiva com aumento do COT e C-BMS e por conseguinte, a retomada de atividades enzimáticas inicialmente na camada superficial seria esperada (MEDEIROS et al., 2017).

5.2.2 Respiração basal do solo (RBS), quociente metabólico e quociente microbiano

Os resultados obtidos para respiração basal do solo indicam uma possível redução metabólica no microbioma solo, em função dos processos de desertificação. A respiração microbiana heterotrófica do solo é um componente essencial para avaliar processos microbianos pois, permitem melhor compreensão funcional e auxilia na previsibilidade de mudanças nos ecossistemas terrestres em resposta aos distúrbios (HOU et al., 2019).

Baixos teores de matéria orgânica promovem impacto negativo nas funções metabólicas dos micro-organismos (CATTELAN; VIDOR, 1990). Por menor que seja a densidade, a presença da vegetação e, por consequência, o fornecimento de fontes de C para o solo assegura a sobrevivência ativa dos micro-organismos no sistema. Para Schloter et al. (2018), por menor

que seja constatada uma redução metabólica, esta implica em déficit nas principais funções microbianas de suporte que resguardam a vida na Terra.

Ebrahimi et al. (2019) observaram em áreas áridas que a respiração basal do solo era maior em solos agrícolas em comparação a solos cobertos por vegetação nativa. Isso elucidou outro ponto chave destacado por Aquino et al. (2017), quando não registraram diferença na emissão de CO₂ comparando períodos diurnos e noturnos e diferentes manejos. A temperatura e a umidade não impuseram maiores ou menores emissões de CO₂ a partir do solo para a atmosfera, mas sim a constituição química do resíduo depositado sobre o solo, os quais apresentam distintas resistências à ação microbiana de decomposição. Além disso, como em áreas florestais o incremento de galhos e ramos são maiores, a constituição da serapilheira incluem materiais com altos teores de lignina, por exemplo, o que reduz o tempo e a velocidade de decomposição e mineralização.

Outro bioindicador de qualidade descrito por Anderson e Domsch (1993), é o quociente metabólico que é a razão entre a respiração basal do solo e o carbono da biomassa microbiana do solo. A diferença em termos de espessura nos horizontes, adicionada as variações em suas profundidades (Tabela 1 e Tabela 2) podem ter favorecido o estabelecimento de comunidades microbianas mais superficialmente.

Ao verificar diferenças no quociente metabólico (qCO_2) comparando sistemas de manejo e as estações, seca e chuvosa, Martins et al. (2018) registraram maiores valores do atributo no período mais úmido. Isso indica que nesse período a microbiota encontra-se menos ativa e pouco eficiente energeticamente, caracterizando possíveis perdas de carbono total no sistema, pelo não incremento na biomassa microbiana e aumento nos níveis do quociente metabólico. Este aumento está associado com ecossistemas em formação, degradados ou submetidos a alguma condição de estresse (CHAER; TÓTOLA, 2007). Já quando os valores de qCO_2 são mais baixos, refletem uma condição equilibrada, natural.

A tipologia vegetacional também influencia o qCO_2 . Pang et al. (2019) ao avaliarem os impactos dos tipos de vegetação e propriedades do solo na atividade microbiana do solo e diversidade metabólica em florestas subtropicais observaram que a diversidade funcional microbiana do solo era governada pelos tipos de vegetação, assim como pelas propriedades do solo.

Avaliando o qCO_2 em condições semelhantes às do presente estudo, Neves (2018) ao quantificar atributos microbianos por horizontes diagnósticos em Planossolos inseridos no mesmo Núcleo de desertificação, observou que possivelmente a desertificação estava conduzindo perdas de C na região, uma vez que foram registrados aumento na respiração basal

do solo e no quociente metabólico. Como o solo encontrava-se exposto, o aumento foi atribuído às condições de estresse oxidativo, em função da perda da vegetação e dos processos erosivos aos quais os solos estão expostos.

Outro indicador da qualidade biológica que vem sendo avaliado e cientificamente aceito é o quociente microbiano (q_{mic}), o qual relaciona o carbono da biomassa microbiana no solo com o teor de carbono orgânico total do solo (GONÇALVES et al., 2019). O componente vegetal para esse atributo não apresentou influência ao ponto de alterar a dinâmica microbiana em subsuperfície, contudo, era esperado que o q_{mic} fosse maior na superfície das áreas vegetadas P2 e P3, na qual ainda existe aporte de material orgânico, deposição sazonal de serapilheira.

Hou et al. (2019) se propuseram a entender como as atividades metabólicas microbianas do solo poderiam mudar ao longo de um amplo gradiente de aridez (3.200 km), incluindo no estudo áreas áridas e semiáridas. Descobriram que o q_{mic} em regiões áridas, com Índice de Aridez ($IA < 0,2$), ou seja, com precipitação e produção primária extremamente reduzida, não é quantitativamente relacionado ao conteúdo de COT. Contudo, o nível crescente de limitação de carbono correspondeu à tendência de declínio ao longo do gradiente (IA), indicando que a limitação de C influenciava o metabolismo microbiano. O fato é que o q_{mic} indica a eficiência microbiana em utilizar o C disponível para a biossíntese, portanto, serve como indicador sensível para pequenas mudanças no sistema avaliando a atividade biológica e a qualidade do solo (SAVIOZZI et al., 2002).

5.2.3 Atividade enzimática

A atividade de uma enzima ou o conjunto delas é um reflexo de funções microbianas, uma vez que quando liberadas no meio extracelular afetam a transformação de nutrientes, especialmente a ciclagem de carbono, nitrogênio, fósforo e enxofre (SIMPSON et al., 2019). Para Luvisolos crômicos na área desertificada observou-se que a fosfatase alcalina era significativamente maior no horizonte C1. Contrastando com as áreas vegetadas (P2 e P3), nas quais maior atividade fora registrada no horizonte superficial A.

Na avaliação dos efeitos deletérios da degradação de pastagens em áreas de Caatinga convertidas foi observado que, quando em alto nível de intervenções antrópicas (manejo), a prática reduzia substancialmente a atividade da fosfatase alcalina em 62%, bem como a urease em 66% (BARROS et al., 2019). Isto corrobora a redução identificada em função dos níveis de desertificação, uma vez que, regiões semiáridas são mais propensas a grandes passivos

ambientais, quer associados à conversão de áreas nativas ou manejo inadequado do solo e dos recursos hídricos, quer pela mudança climática global que amplia os limites geográficos da aridez, podendo acarretar em desertificação (OLIVEIRA et al., 2012; LANFREDI et al., 2015).

Destaca-se que o tempo pelo qual essas enzimas permanecem ativas em Luvisolos sob desertificação permanece desconhecido, abrindo caminhos para que novas pesquisas avancem sobre o tema.

5.2.4 Estrutura e abundância das comunidades microbianas

5.2.4.1 Bactérias totais (16S rRNA)

Estudos comprovaram que os horizontes do solo podem determinar o perfil das comunidades microbianas ao longo do perfil. Avaliando o efeito da estratigrafia por horizonte do solo na ecologia microbiana de *alpine paleosol*, Young et al. (2019) perceberam que para bactérias a diversidade alfa apresenta forte e significativa correlação positiva com a profundidade do solo, enquanto que a diversidade beta não diferia entre horizontes. O importante é perceber que um mesmo horizonte pode apresentar características ambientais distintas, as quais devem ser ponderadas de acordo com o objetivo da pesquisa.

No Brasil, essa estratificação do solo para examinar a estrutura de comunidades microbianas já foi realizada em Espodosolos (SILVA; VIDAL-TORRADO; LAMBAIS, 2014) e em Planossolos (NEVES, 2018). Contudo, como essa abordagem afeta a caracterização estrutural e abundância de micro-organismos em Luvisolos sob desertificação permanecia inexplorada.

Ao comparar três Luvisolos crômicos, dois sob diferentes níveis de desertificação e um sob Caatinga preservada, oriundos de um mesmo material de origem, os resultados forneceram evidências de que há forte seletividade na estruturação de comunidades bacterianas (perfil do gene do 16S rRNA) em função da profundidade, mas com algumas sobreposições, assim como uma distinção em função da desertificação. Em relação à profundidade, os resultados corroboram Silva, Vidal-Torrado e Lambais (2014), que ao avaliar bactérias totais ao longo de três perfis de Espodosolos perceberam que a estrutura das comunidades também variou em função da profundidade, e que dentro de um mesmo horizonte a presença de particularidades poderiam favorecer especificamente uma comunidade distinta. Diferenças significativas entre comunidades bacterianas em horizontes de Planossolos situados no Semiárido Pernambucano,

dentro do mesmo Núcleo de Desertificação, também já foram observadas, sendo atribuído, além da profundidade, aos distintos atributos físicos e químicos de cada horizonte (NEVES, 2018).

Em termos de abundância, a desertificação não desfavoreceu a comunidade bacteriana nos horizontes superficiais, permitindo inferir que a abundância bacteriana é resiliente frente aos processos degradativos e que de alguma forma os tensores ambientais selecionaram microorganismos resistentes a tal condição. Esse achado está de acordo com Xue et al. (2017), os quais identificaram correlação negativa entre diversidade bacteriana e as concentrações de carbono orgânico e nitrogênio total no solo, ou seja, um indicativo que ambientes de solo exposto tendem a criar nichos mais exclusivos, ao passo que, áreas florestais são menos propensas à diferenciação de nicho microbiano, gerando grande impacto em termos de diversidade microbiana, mas não em sua abundância. Contudo, como destacado por Eilers et al. (2012), a composição da comunidade é significativamente afetada pela profundidade do solo, impelida pelo declínio nas concentrações de C do solo e aumento do pH do solo para todos os perfis examinados. Já no estudo realizado por Kim et al. (2013), foi registrada correlação significativa da abundância com a salinidade e a textura do solo, indicando-as como variáveis explicativas, e diferindo daquelas identificadas como responsáveis na afetação da comunidade bacteriana em ambientes mais úmidos, como por exemplo, o pH que não apresentou efeito detectável para ambientes semiáridos na Mongólia.

Para a condição desertificada (P1), por meio da análise de redundância identificou-se correlação positiva entre o teor de Na^+ e a estrutura das comunidades bacterianas, atuando como força motriz. Esses achados suportam a hipótese de que o processo de salinização e sodicidade, normalmente associados à desertificação, afetam as comunidades bacterianas em termos de diversidade, mas não em abundância, destacando a adaptação das bactérias à salinidade (BENCHERIF et al., 2015). Entretanto, em outro ambiente sob desertificação já foi observado que o teor de Ca^{2+} e o fósforo disponível durante a degradação da vegetação apresentaram grande impacto no metabolismo do C e N do solo, interferindo diretamente na estrutura da comunidade bacteriana (TANG et al., 2019).

Já para as áreas vegetadas foi possível perceber uma clara distinção entre comunidades presentes nos horizontes A e Bt quando comparadas ao C. Em A e Bt, o perfil bacteriano foi moldado pelo carbono e nitrogênio total, fósforo disponível, nitrogênio da biomassa microbiana e acidez potencial. Já para o horizonte C, o teor de argila, cálcio trocável (Ca^{2+}) e capacidade de troca catiônica a pH 7,0 moldaram a estrutura da comunidade bacteriana. Isso corrobora o fato de que a estrutura de comunidades bacterianas é sensível a quaisquer mudanças nos sistemas ecológicos, sendo assim, dependendo da intensidade e da variação imposta não é

possível prever ecologicamente como irão se comportar, além de que, inúmeras variáveis ambientais podem responder direta ou indiretamente aos distúrbios (DAMBACHER; LI; ROSSIGNOL, 2002; NAKAYAMA et al., 2019).

5.2.4.2 Fungos totais (18S rRNA)

A RDA resultou em uma clara distinção entre as comunidades fúngicas quando da comparação entre a Caatinga preservada e as áreas sob desertificação, em adição, na avaliação por horizontes notou-se a formação de dois grupos, superficiais e subsuperficiais. Como já fora mencionado, as áreas inseridas no Núcleo de Desertificação de Cabrobó apresentaram crescente acúmulo de sódio em função da desertificação, contudo não foi identificadas diferenças significativas na estrutura das comunidades nesses ambientes. Curiosamente, embora tenha sido registrada essa diferenciação na estrutura em função dos horizontes, não foi observada variação significativa dentro de um mesmo perfil, apresentando similaridade na abundância de fungos, inclusive na referência. Baumann e Marschner (2013) evidenciaram por metanálise que as estruturas das comunidades microbianas apresentam tolerâncias diferentes ao estresse hídrico e que essa é dependente do nível de salinidade. Registrando diminuição da atividade microbiana com o aumento da salinidade, mas não afetando sua resistência aos ciclos de umedecimento e secagem.

Na área desertificada, o teor de fósforo disponível determinou a estrutura da comunidade de fungos totais na porção superficial do perfil, enquanto que em subsuperfície o teor de sódio trocável e o nitrogênio da biomassa microbiana foram as principais variáveis ambientais explicativas. Já na área em processo de desertificação apenas o teor de sódio trocável e o nitrogênio da biomassa microbiana se correlacionaram significativamente na estruturação da comunidade ao longo de todo o perfil. Ao investigar o impacto da salinidade sobre a riqueza fúngica em áreas áridas e semiáridas, Bencherif et al. (2015) observaram que a salinidade alterava a formação e simbiose micorrízica, o que ficou evidenciado pelo grande quantitativo de esporos (o qual aumentou em função dos teores salinos) e pela redução significativa na taxa de colonização das raízes, as quais diminuíram em 49%.

Embora possa ocorrer redução na simbiose, essa observação não deve ser generalizada pois, fungos tolerantes ao estresse salino já foram identificados. A habilidade de *Serendipita indica*, fungo endofítico capaz de colonizar as raízes e favorecer o crescimento vegetal mesmo sob estresse biótico e abiótico, envolve a expressão de proteínas envolvidas tanto do efluxo de

Na⁺ e K⁺, como a desintoxicação de Na⁺, ambas induzidas e com melhor eficiência em pH alcalino (LANZA et al., 2019).

Não foi possível mensurar a abundância de fungos nos horizontes Bt e C da área desertificada, e do horizonte C da área em processo de desertificação. Isso provavelmente está relacionado a alta taxa de eluição do DNA metagenômico, ou ao conjunto de *primers* adotados, ou ainda as condições de ciclagem adotadas. Cabe comentar que foram realizadas tentativas sem sucesso de *nested* qPCR, baseado em Tran et al. (2014), que avaliando comparativamente a PCR quantitativa em tempo real com a primeira reação da PCR convencional para o gene ribossomal 18S rRNA, observaram aumento em 10 vezes na sensibilidade de detecção quando adotada a *nested* qPCR.

No geral, a comunidade fúngica pode desempenhar um papel mais importante na ciclagem de C, N e P em comparação com a comunidade bacteriana, as quais normalmente estão associadas ao C durante a conversão florestal. Logo frente a mudança de uso da terra, os fungos são mais suscetíveis, sendo observado mudanças na composição e estrutura da sua comunidade (JIM et al., 2019). Diante disso, assumindo que esse mesmo padrão ocorra em áreas sob desertificação, nas quais a vegetação não mais consegue se estabelecer e o solo permanece exposto, é esperado que a razão bactéria/fungo aumente em função da condição salina (YAN et al., 2015). Corroborando Butterly et al. (2009) que descobriram que o processo de seca prolongada e umedecimento induziam à uma redução na comunidade fúngica e um aumento de bactérias Gram-positivas. Como já está evidenciado o grande impacto que as mudanças climáticas promove com eventos extremos de seca e chuva na umidade do solo (OUYANG; LI, 2013), grandes alterações nas comunidades microbianas irão acontecer, portanto, faz-se necessário o levantamento emergencial de informações visando mitigar possíveis impactos ecológicos por mudanças nos ciclos biogeoquímicos, viabilizando a recuperação de áreas degradadas.

5.2.4.3 Bactérias diazotróficas (*nifH*)

A análise de redundância (RDA) revelou que o perfil da comunidade diazotrófica também diferiu significativamente quanto ao nível de desertificação e profundidade (horizontes) em Luvisolos crômicos sob Caatinga. A RDA resultou em agrupamento dos solos primeiramente de acordo com o *status* em desertificação e preservada, seguido de separação dos horizontes em superficiais e subsuperficiais. A separação em função da desertificação refletiu na abundância do gene funcional, apresentando-se menor em relação as áreas vegetadas.

Destaca-se que não foi possível mensurar a abundância da comunidade diazotrófica nos horizontes Bt e C do perfil desertificado.

Pouco se sabe sobre atributos microbianos em solos argilosos ou como a atividade microbiana pode ser influenciada em função da profundidade do perfil do solo. Investigando nessa perspectiva, foram identificadas como variáveis ambientais limitantes, em profundidade, o teor de fósforo disponível e nitrogênio total, quando na verdade, esperava-se que o carbono respondesse a tais limitações (HSIAO et al., 2018). Entretanto, embora a mineralização no solo superficial (0 a 30 cm) seja significativamente maior em comparação ao subsolo, considerável mineralização ocorrendo a 50-60 cm já foi observada (JONES et al., 2018).

As áreas vegetadas detiveram maior abundância de diazotróficos em superfície, possivelmente pelo aporte de material orgânico e pela capacidade simbiótica entre vegetais da família Fabaceae (leguminosas) e os diazotróficos. Estes micro-organismos apresentam alta diversidade morfológica, fisiológica, genética e filogenética, assegurando não só a resiliência dos processos ecológicos que mediam como também a sustentação dos ecossistemas (MOREIRA; SIQUEIRA, 2006; MOREIRA et al., 2010). Importante destacar que essa família botânica detém os indivíduos que apresentam maiores VI (valor de importância) para ambientes semiáridos em diversos trabalhos (AGUIAR et al., 2019; MELO et al., 2019). Chen et al. (2019) observaram que os teores de N inorgânico no solo se correlacionaram com a composição da comunidade diazotrófica, contudo não apresentando influência em sua abundância.

A estrutura da comunidade diazotrófica ao ser comparada dentre áreas foi observado que a desertificada e a em desertificação apresentava pouca dissimilaridade, já entre a desertificada e a Caatinga referência, as comunidades são claramente distintas, induzindo a acreditar que a presença da vegetação determina a estrutura da comunidade fixadora de N. Canfora et al. (2015) estudaram a estrutura da comunidade microbiana e a diversidade em solos hipersalinos de uma área semiárida do Mediterrâneo. Seus achados forneceram evidências de que tanto a estrutura como a diversidade microbiana variam em função da cobertura vegetal e das classes de salinidade, sendo as Archaeas favorecidas em detrimento das bactérias com o aumento dos teores salinos.

Com as variáveis ambientais testadas na determinação da estrutura da comunidade diazotrófica foi possível perceber variações significativas de acordo com a profundidade e com o nível de desertificação. Para áreas com teores de sódio mais expressivos este foi significativo na determinação da comunidade e, quando em teores menores, o carbono total, nitrogênio total, P disponível, $N-NO_3^-$, Mg^{2+} , fosfatase alcalina, acidez e CTC potencial moldaram

significativamente a comunidade. Não sendo possível identificar um padrão determinístico em função da estratificação dos Luvissoles sob níveis de desertificação na Caatinga.

5.2.4.4 Bactérias amônio oxidantes (*amoA* - AOB)

Por meio da análise de correspondência canônica foi possível identificar que o perfil da comunidade de bactérias amônio oxidantes apresentou pouca dissimilaridade em função da desertificação em Luvissoles crômicos sob Caatinga, indicando que a desertificação pouco influenciou nas distinções entre comunidades. Como variáveis ambientais explicativas, registrou-se o teor de Na^+ , Mg^{2+} , Ca^{2+} , teor de argila, quociente metabólico e capacidade de troca catiônica (pH 7,0). Destoando dos achados de Levy-Booth et al. (2014), que identificaram o pH moldando a comunidade de bactérias amônio oxidantes e, por consequência, influenciando na emissão de N_2O . Sun et al. (2019) não detectarem nenhuma relação entre o fluxo de N_2O derivado da nitrificação e a abundância de bactérias amônio oxidantes (AOB), independente do horizonte do solo.

De igual forma que foi identificado para o *nifH*, a abundância do gene *amoA* (AOB) foi maior nas áreas com vegetação. Quando ocorre alteração das condições ambientais, imediatamente ocorre uma reestruturação na composição, diversidade e abundância da comunidade microbiana presente no solo (SANTANA et al., 2017), acreditando que a sazonalidade climática promove seleção temporal na comunidade microbiana do solo. Contudo, Preece et al. (2019) avaliando o efeito do estresse hídrico na composição e diversidade de comunidades bacterianas e fungicas do solo, além de investigar o efeito de uma seca de longo prazo, observaram que a seca experimental alterou a abundância relativa de táxons específicos de bactérias e fungos, afetando muito mais a comunidade bacteriana que a fúngica. Isto corrobora os resultados encontrados para Luvissoles sob desertificação, comprovando a maior resistência bacteriana às condições adversas.

O horizonte superficial A apresentou maior abundância diferindo significativamente do horizonte textural Bt, tanto em P2 como em P3. Esta mesma conformação foi registrada por Song et al. (2019), examinando áreas destinadas à recuperação, na região semiárida do Platô de Loess, na China. Isso permite inferência que a atividade de bactérias oxidantes de amônio atuam mais em superfície quando em condições Semiáridas.

5.2.4.5 Bactérias mineralizadoras de P (*phoD*)

O não acesso às comunidades mineralizadoras de P (*phoD*) provavelmente se deve a possíveis limitações dos *primers* sintetizados. Acessando bancos de dados de genoma e metagenoma, uma abordagem ampla foi utilizada para avaliar a distribuição taxonômica e ambiental do gene *phoD* em bactérias com um novo conjunto de *primers*. Partindo-se de 6 (seis) solos, coletados em dois continentes, implicando em condições edafoclimáticas distintas, foi observado que a fosfatase alcalina (*phoD*) com grande abundância nos solos permeava por 20 filos bacterianos, comprovando a eficiência dos novos *primers* para estudar a fosfatase alcalina em amostras ambientais e apontando as limitações em termos de diversidade dos propostos por Sakurai et al. (2008) (RAGOT; KERTESZ; BÜNEMANN, 2015).

Grande é o número de marcadores moleculares disponíveis para determinar processos microbianos nos mais diversos ecossistemas, contudo, isoladamente nenhum deles é suficiente para compreender funções ecológicas desempenhadas pelos micro-organismos. O que torna complexo estabelecer resultados significativos sobre estrutura de comunidades baseada em um único *primer* (gene) por conta da extensa diversidade genética (IWAI et al., 2011). Contudo, aqui é apresentado uma primeira aproximação da estruturação bacteriana (total, diazotrófica e amônio oxidante) e fungos totais em perfis de Luvisolo crômico sob Caatinga em diferentes níveis de desertificação.

Em solos do Semiárido comumente são registrados baixos teores de carbono e nitrogênio do solo, o que reflete no teor carbono e nitrogênio que é incorporado na biomassa microbiana. Uma característica que associada ao regime hídrico deficitário impõe grandes limites para o manejo sustentável destes solos. De fato, as populações que vivem nessas áreas demandam socialmente por espaços produtivos, portanto adotam práticas agrícolas convencionais, as quais não foram dimensionadas para o bioma Caatinga, induzindo assim em perda da resiliência ecológica de grandes áreas. Uma forma de contornar essa situação é explorar o potencial biotecnológico das comunidades microbianas nativas dessas regiões, em termos de abundância e funcionalidade, visando difundir para a sociedade novas formas de conviver com as questões do Semiárido, assegurando o equilíbrio ecológico dos solos.

6 CONCLUSÕES

As descobertas aqui apresentadas podem levar ao desenvolvimento de ações inovadoras de conservação e recuperação de Luvisolos sob o bioma Caatinga e, se ponderadas, contribuirão de modo significativo para mitigar a mudança climática e seus efeitos deletérios, combater a desertificação e apoiar a conservação da biodiversidade, assegurando a manutenção de serviços ecossistêmicos que sustentam o bioma.

Sucessões microbianas face a desertificação foram expostas. Destaca-se que estas foram identificadas a partir de coleta de solo durante o período de estiagem (seco). Contudo, é importante que a pesquisa tenha continuidade e que uma nova coleta, nas mesmas áreas, seja realizada para identificar os “padrões” de sucessão microbiana em função do período úmido (precipitação local).

A comunidade bacteriana de fato apresentou-se mais resistente que a fúngica, tanto em termos de abundância como de diferenciação estrutural e funcional. Entretanto, não foi observada a influência do horizonte genético, permitindo acreditar que a profundidade possivelmente é principal propulsor na determinação de atributos microbiológicos.

Atividade da enzima urease não apresenta efetividade como indicador biológico no Semiárido durante o período seco, uma vez que não apresentam variações em função dos níveis de desertificação e/ou profundidade.

Comunidade microbianas acessadas detêm genes funcionais importantes, como fixação biológica de nitrogênio, oxidação do amônio e mineralização do fósforo. Confirmada sua presença nos diferentes níveis de desertificação, esta não se caracteriza como principal limitação para a regeneração natural de áreas sob desertificação, indicando que os processos erosivos com perda parcial do horizonte A, somado à elevação da salinidade e/ou sodicidade podem ser os principais agentes impeditivos para o restabelecimento da flora nativa.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AB'SABER, A. N. Os sertões: a originalidade da terra. **Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 3, n. 13, p. 42-47, 1985.
- ABUELGASIM, A.; AMMAD, R. Mapping soil salinity in arid and semi-arid regions using Landsat 8 OLI satellite data. **Remote Sensing Applications: Society and Environment**, Kowloon, v. 13, p. 415-425, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.rsase.2018.12.010>>
- ACOSTA-MARTINEZ, V.; CANO, A.; JOHNSON, J. Simultaneous determination of multiple soil enzyme activities for soil health-biogeochemical indices. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 126, p. 121-128, 2018. <<https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2017.11.024>>
- ADHIKARI, P.; PANDEY, A. Phosphate solubilization potential of endophytic fungi isolated from *Taxus wallichiana* Zucc. Roots. **Rhizosphere**, Saskatoon, v. 9, p. 2-9, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2018.11.002>>
- AGUIAR, M. I. de; FIALHO, J. S.; CAMPANHA, M. M.; OLIVEIRA, T. S. de. Florística e estrutura vegetal em áreas de Caatinga sob diferentes sistemas de manejo. **Pesquisa florestal brasileira**, Colombo, v. 39, e201801715, p. 1-11, 2019. <<http://dx.doi.org/10.4336/2019.pfb.39e201801715>>
- ALMEIDA, B. G. de. **Métodos alternativos de determinação de parâmetros físicos do solo e uso de condicionadores químicos no estudo da qualidade do solo**. 2008. Tese (Doutorado em Solos e Nutrição de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 2008.
- ALTSHULER, I.; RONHOLM, J.; LAYTON, A.; ONSTOTT, T. C.; GREER, C. W.; WHYTE, L. G. Denitrifiers, nitrogen-fixing bacteria and N₂O soil gas flux in high Arctic ice-wedge polygon cryosols. **FEMS Microbiology Ecology**, Oxford, v. 95, n. 5, fiz049, 2019. <<https://doi.org/10.1093/femsec/fiz049>>
- ALVES, J. J. A.; ARAÚJO, M. A. de; NASCIMENTO, S. S. do. Degradação da caatinga: uma investigação ecogeográfica. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 22, n. 3, p. 126-135, 2008.
- ALVES, T. L. B.; LIMA, V. L. A.; FARIAS, A. A. Impactos ambientais no rio Paraíba na área do município de Caraúbas – PB: região contemplada pela integração com a bacia hidrográfica do rio São Francisco. **Caminhos de Geografia**, Uberlândia, v. 13, n. 43, p. 160-173, 2012.
- ANDERSON, I. C.; CAMPBELL, C. D.; PROSSER, J. I. Potential bias of fungal 18S rDNA and internal transcribed spacer polymerase chain reaction primers for estimating fungal biodiversity in soil. **Environmental Microbiology**, Malden, v. 5, n. 1, p. 36-47, 2003. <<https://doi.org/10.1046/j.1462-2920.2003.00383.x>>
- ANDERSON, T. H.; DOMSCH, K. H. The metabolic quotient for CO₂ (qCO₂) as a specific activity parameter to assess the effects of environmental condition, such as pH on the microbial biomass of forest soils. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 23, n. 3, p. 393-395, 1993. <[http://dx.doi.org/10.1016/0038-0717\(93\)90140-7](http://dx.doi.org/10.1016/0038-0717(93)90140-7)>

ANDRADE, L. A. de; PEREIRA, I. M.; LEITE, U. T.; BARBOSA, M. R. V. Análise da cobertura de duas fitofisionomias de Caatinga, com diferentes históricos de uso, no município de São João do Cariri, Estado da Paraíba. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 3, p. 253-262, 2005.

AQUINO, D. do N.; ANDRADE, E. M. de; PALÁCIO, H. A. de Q.; PEREIRA-JÚNIOR, L. R. Nutrient cycling and CO₂ emissions in areas of preserved and thinned Caatinga. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 41, n. 3, p. e410308, 2017. <<http://dx.doi.org/10.1590/1806-908820170003000008>>

ARAÚJO-FILHO, R. N. de; FREIRE, M. B. G. dos S.; WILCOX, B. P.; OESTE, J. B.; FREIRE, F. J.; MARQUES, F. A. Recovery of carbon stocks in deforested caatinga dry forest soils requires at least 60 years. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 407, n. 1 p. 210-220, 2018. <<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2017.10.002>>

BARBERENA, I. M.; ESPINDULA, M. C.; ARAÚJO, L. F. B. de; MARCOLAN, A. L. Use of urease inhibitors to reduce ammonia volatilization in Amazonian soils. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, e00253, 2019. <<https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2019.v54.00253>>

BARBOSA, H. A.; KUMAR, T. V. L.; PAREDES, F.; ELLIOTT, S.; AYUGA, J. G. Assessment of Caatinga response to drought using Meteosat-SEVIRI Normalized Difference Vegetation Index (2008–2016). **Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, Calgary, v. 148, p. 235-252, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.isprsjprs.2018.12.014>>

BARROS, F. M. do R.; FRACETTO, G. G. M.; FRACETTO, F. J. C.; MENDES-JÚNIOR, J. P.; ARAÚJO, V. L. V. P. de; LIRA-JUNIOR, M. A. Silvopastoral systems drive the nitrogen-cycling bacterial community in soil. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 42, n. 3, p. 281-290, 2018. <<http://dx.doi.org/10.1590/1413-70542018423031117>>

BASTIN, J. F.; BERRAHMOUNI, N.; GRAINGER, A.; MANIATIS, D.; MOLLICONE, D.; MOORE, R.; PATRIARCA, C.; PICARD, N.; SPARROW, B.; ABRAHAM, E. M.; ALOUI K.; ATESOGLU, A.; ATTORE, F.; BASSÜLLÜ, Ç.; BEY, A.; GARZUGLIA, M.; GARCÍA-MONTERO, L. G.; GROOT, N.; GUERIN, G.; LAESTADIUS, L.; LOWE, A. J.; MAMANE, B.; MARCHI, G.; PATTERSON, P.; REZENDE, M.; RICCI, S.; SALCEDO, I.; DIAZ, A. S. P.; STOLLE, F.; SURAPPAEVA, V.; CASTRO, R. The extent of forest in dryland biomes. **Science**, v. 356, p. 635–638, 2017.

BATJES, N. H. Total carbon and nitrogen in the soils of the world. **European Journal of Soil Science (EJSS)**, Paris, v. 65, n. 1, p. 10-21, 2014. <http://dx.doi.org/10.1111/ejss.12114_2>

BAUMANN, K.; MARSCHNER, P. Effects of salinity on microbial tolerance to drying and rewetting. **Biogeochemistry**, Dordrecht, v. 112, n. 1-3, p. 71–80, 2013. <<https://doi.org/10.1007/s10533-011-9672-1>>

BENCHERIF, K.; BOUTEKRABT, A.; FONTAINE, J.; LARUELLE, F.; DALPE, Y.; SAHRAOUI, A. L. H. Impact of soil salinity on arbuscular mycorrhizal fungi biodiversity and microflora biomass associated with *Tamarix articulata* Vahl rhizosphere in arid and semi-arid Algerian areas. **Science of the Total Environment**, Amsterdam, v. 533, p. 488-494, 2015. <<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.07.007>>

BHATTACHARYYA, T.; PAL, D. K. SUHAS, P. W.; SAHRAWAT, K. L. Resilience of the semi-arid tropical soils. **Current Science**, Bangalore, v. 110, n. 9, p. 1784-1788, 2016.

BHOPLE, P.; DJUKIC, I.; KEIBLINGER, K.; ZEHETNER, F.; LIU, D.; BIERBAUMER, M.; ZECHMEISTER-BOLTENSTERN, S.; JOERGENSEN, R. G.; MURUGAN, R. Variations in soil and microbial biomass C, N and fungal biomass ergosterol along elevation and depth gradients in Alpine ecosystems. **Geoderma**, Amsterdam, v. 345, p. 93–103, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.03.022>>

BIRD, S. B.; HERRICK, J. E.; WANDER, M. M.; WRIGHT, S. F. Spatial heterogeneity of aggregate stability and soil carbon in semi-arid rangeland. **Environmental Pollution**, Oxford, v. 116, p. 445-455, 2002.

BONGUE, D.; GASPAR, M. da G. de S.; CHITOMBI, A. N.; JOÃO, P. G.; FERREIRA, J. C. Degradação química do solo da funda. **Brazilian Applied Science Review**, Curitiba, v. 3, n. 2, p. 1417-1432, 2019.

BORNEMAN, J.; HARTIN, R. J. PCR Primers That Amplify Fungal rRNA Genes from Environmental Samples. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 66, n. 10, p. 4356-4360, 2000. <<<https://doi.org/10.1128/AEM.66.10.4356-4360.2000>>>

BOURIAUD, O.; DON, A.; JANSSENS, I. A.; MARIN, G.; SCHULZE, E. D. **Forest Ecosystems**, Beijing, v. 6, n. 19, 2019. <<https://doi.org/10.1186/s40663-019-0180-4>>

BRASIL. Ministério da Integração Nacional – MIN. Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste. Conselho Deliberativo. **RESOLUÇÃO N° 107, de 27 de julho de 2017**. Estabelece critérios técnicos e científicos para delimitação do Semiárido Brasileiro e procedimentos para revisão de sua abrangência. Brasília, 2017a. Disponível em: <<http://sudene.gov.br/images/2017/arquivos/Resolucao-107-2017.pdf>> Acesso em: 22 de abril de 2019.

BRASIL. Ministério da Integração Nacional (MIN). **Relatório final: grupo de trabalho para delimitação do semiárido**. Grupo de trabalho interministerial - Portaria n. 196, de 27 de maio de 2014: Brasília, 2017b.

BRASIL. Ministério da Integração Nacional – MIN. Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste. Conselho Deliberativo. **RESOLUÇÃO N° 115, DE 23 DE NOVEMBRO DE 2017**. Aprova a Proposição n° 113/2017, que acrescenta municípios a relação aprovada pela Resolução CONDEL n° 107, e 27 de julho de 2017. Brasília, 2017.c Disponível em: <<http://sudene.gov.br/images/arquivos/semiario/arquivos/resolucao115-23112017-delimitacaodosemiario-DOU.pdf>> Acesso em: 22 de abril de 2019.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA. **Lavouras são apenas 7,6% do Brasil, segundo a NASA**. Notícias, 2017. Brasília, 2017d. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/noticias/dados-da-nasa-demonstram-que-apenas-7-6-da-area-do-brasil-e-ocupada-por-lavouras> / Acessado em: 22/04/2019.

BURNS, R. G. Enzyme activity in soil: location and a possible role in microbial ecology. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 14, p. 423-427, 1982.

BUTTERLI, C. R.; BÜNEMANN, E. K.; MCNEILL, A. M.; BALDOCK, J. A.; MARSCHNEER, P. Carbon pulses but not phosphorus pulses are related to decreases in microbial biomass during repeated drying and rewetting of soils. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 41, n. 7, p. 1406-1416, 2009. <<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2009.03.018>>

CALDWELL, B. A. Enzyme activities as a component of soil biodiversity: A review. **Pedobiologia**, Jena, v. 49, p. 637-644, 2005. <<https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2005.06.003>>

CANEI, A. D.; HERNÁNDEZ, A. G.; MORALES, D. M. L. (In Memoriam)*; SILVA, E. P. da; SOUZA, L. F.; LOSS, A.; LOURENZI, C. R.; REIS, M. S. dos; SOARES, C. R. F. S. Atributos microbiológicos e estrutura de comunidades bacterianas como indicadores da qualidade do solo em plantios florestais na mata atlântica. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 28, n. 4, p. 1405-1417, 2018. <<http://dx.doi.org/10.5902/1980509835049>>

CANFORA, L.; PAPA, G. L.; ANTISARI, L. V.; BAZAN, G.; DAZZI, C.; BENEDETTI, A. Spatial microbial community structure and biodiversity analysis in “extreme” hypersaline soils of a semiarid Mediterranean area. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 93, p. 120-129, 2015. <<https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2015.04.014>>

CATTELAN, A. J.; VIDOR, C. Flutuações na biomassa, atividade e população microbiana do solo, em função de variações ambientais. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 14, n. 2, p. 133-142, 1990.

CHAER, G. M.; TÓTOLA, M. R. Impacto do manejo de resíduos orgânicos durante a reforma de plantios de eucalipto sobre indicadores de qualidade do solo. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 31, p. 1381-1396, 2007. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06832007000600016>>

CHEN, J.; SHEN, W.; XU, H.; LI, Y.; LUO, T. The Composition of Nitrogen-Fixing Microorganisms Correlates with Soil Nitrogen Content During Reforestation: A Comparison Between Legume and Non-legume Plantations. **Frontiers Microbiology**, Lausana, v. 10, article 508, 2019. <<https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00508>>

CLAESSON, M. J.; WANG, Q.; O'Sullivan, O.; GREENE-DINIZ, R.; COLE, J. R.; ROSS, R. P.; O'TOOLE, P. W. Comparison of two next-generation sequencing technologies for resolving highly complex microbiota composition using tandem variable 16S rRNA gene regions, **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 38, n. 22, e200, 2010. <<https://doi.org/10.1093/nar/gkq873>>

CORRÊA, A. C. de B.; TAVARES, B. de A. C.; LIRA, D. R. de; MUTZENBERG, D. da S.; CAVALCANTI, L. C. de S. The Semi-arid Domain of the Northeast of Brazil. In: SALGADO, A., SANTOS, L., PAISANI, J. (eds) **The Physical Geography of Brazil. Geography of the Physical Environment**. Springer, Cham, p. 119-150, 2019. <https://doi.org/10.1007/9783-030-04333-9_7>

CREGGER, M. A.; SCHADT, C. W.; MCDOWELL, N. G.; POCKMAN, W. T.; CLASSEN, A. T. Response of the Soil Microbial Community to Changes in Precipitation in a Semiarid Ecosystem. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 78, n. 24, p. 8587-8594, 2012. <<https://doi.org/10.1128/AEM.02050-12>>

DALMOLIN, R. S. D.; CATEN, A. Uso da terra dos biomas brasileiros e o impacto sobre a qualidade do solo. **Entre-Lugar**, Dourados, MS, n.6, p. 181-193, 2012.

DAMBACHER, J. M.; LI, H. W.; ROSSIGNOL, P. A. Relevance of community structure in assessing indeterminacy of ecological predictions. **Ecology**, Washington, v. 83, n. 5, p. 1372-1385, 2002. <[https://doi.org/10.1890/0012-9658\(2002\)083\[1372:ROCSIA\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2002)083[1372:ROCSIA]2.0.CO;2)>

DELGADO-BAQUERIZO, M.; OLIVERIO, A. M.; BREWER, T. E.; BENAVENT-GONZÁLEZ, A.; ELDRIDGE, D. J.; BARDGETT, R. D.; MAESTRE, F. T.; SINGH, B. K.; FIERER, N. A global atlas of the dominant bacteria found in soil. **Science**, Nova York, v. 359, n. 6373, p. 320-325, 2018. <<http://dx.doi.org/10.1126/science.aap9516>>

MEDEIROS, E. V. de; NOTARO, K. de A.; BARROS, J. A. de; MORAES, W. da S.; SILVA, A. O.; MOREIRA, K. A. Absolute and specific enzymatic activities of sandy entisol from tropical dry forest, monoculture and intercropping áreas. **Soil & Tillage Research**, Amsterdam, v. 145, p. 208-215, 2014. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.still.2014.09.013>>

DIAS, F. P. M.; HÜBNER, R.; NUNES, F. de J.; LEANDRO, W. M.; XAVIER, F. A. da S. Effects of land-use change on chemical attributes of a Ferralsol in Brazilian Cerrado. **Catena**, Amsterdam, v. 177, p. 180-188, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.catena.2019.02.016>>

DUARTE, S. M. A.; FERNANDES, M. de F.; SILVA, G. B. da; BARBOSA, M. P.; MORAIS-NETO, J. M. The stages of the desertification in different types of soil in the Semiarid Paraíba. **Journal of Hyperspectral Remote Sensing**, Recife, v. 04, n. 03, p. 075-086, 2014.

EBRAHIMI, M.; SARIKHANI, M. R.; SINEGANI, A. A. S.; AHMADI, A.; KEESSTRA, S. Estimating the soil respiration under different land uses using artificial neural network and linear regression models. **Catena**, Amsterdam, v. 174, p. 371-382, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.catena.2018.11.035>>

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Manual de métodos de análise de solos**. 3. ed. Brasília, DF. 2017. 575p.
EMBRAPA. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5ª Edição rev. e ampl. Brasília, DF, 2018. 590 p.

EILERS, K. G.; SPENCER, D.; ANDERSON, S.; FIERER, N. Digging deeper to find unique microbial communities: The strong effect of depth on the structure of bacterial and archaeal communities in soil. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 50, p. 58-65, 2012. <<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2012.03.011>>

FARAHANI, E.; EMAMI, H.; FOTOVAT, A.; KHORASSANI, R. Effect of different K:Na ratios in soil on dispersive charge, cation exchange and zeta potential. **European Journal of Soil Science (EJSS)**, Paris, v. 70, n. 2, p. 311-320, 2019. <<https://doi.org/10.1111/ejss.12735>>

FENG, J.; TURNER, B. L.; WEI, K.; TIAN, J.; CHEN, Z.; LÜ, X.; WANG, C.; CHEN, L. Divergent composition and turnover of soil organic nitrogen along a climate gradient in arid and semiarid grasslands. **Geoderma**, Amsterdam, v. 327, p. 36–44, 2018. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2018.04.020>>

FENG, S.; HU, Q.; HUAANG, W.; HO, C. H.; LI, R.; TANG, Z. Projected climate regime shift under future global warming from multi-model, multi-scenario CMIP5 simulations. **Global and Planetary Change**, Amsterdam, v. 112, p. 41-52, 2014. <<https://doi.org/10.1016/j.gloplacha.2013.11.002>>

FERREIRA, C. D.; SOUTO, P. C.; LUCENA, D. da S.; SALES, F. das C. V.; SOUTO, J. S. Fitossociologia do banco de sementes em diferentes estágios de regeneração natural de caatinga, Seridó paraibano. **Agropecuária Científica no Semiárido**, Campina Grande, v. 12, n. 3, p. 301-318, 2016.

FIERER, N.; JACKSON, J. A.; VILGALYS, R.; JACKSON, R. B. Assessment of Soil Microbial Community Structure by Use of Taxon-Specific Quantitative PCR Assays. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 71, n. 7, p. 4117–4120, 2005. <<https://doi.org/10.1128/AEM.71.7.4117-4120.2005>>

FRANCISCO, P. R. M.; CHAVES, I. de B.; MORAES NETO, J. M. de; BARRETO, H. T. S. Erodibilidade dos solos da bacia hidrográfica do Alto Rio Paraíba. **Caderno de Pesquisa, Ciência e Inovação**, São Luís, v. 2, n. 1, p. 153-159, 2019.

FRASER, T.; LYNCH, D. H.; ENTZ, M. H.; DUNFIELD, K. E. Linking alkaline phosphatase activity with bacterial *phoD* gene abundance in soil from a long-term management trial. **Geoderma**, Amsterdam, v. 257–258, p. 115–122, 2015. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.geoderma.2014.10.016>>

FUNGARO, M. H. P. PCR na Micologia. **Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, Brasília, v.14, p. 12-16, 2000.

GALAVIZ, C.; LOPEZ, B. R.; de-BASHAN, L. E.; HIRSCH, A. M.; MAYMON, M.; BASHAN, Y. Root growth improvement of mesquite seedlings and bacterial rhizosphere and soil community changes are induced by inoculation with plant growth-promoting bacteria and promote restoration of eroded desert soil. **Land Degradation & Development**, Hoboken, v. 29, n. 5, p. 1453–1466, 2018. <<https://doi.org/10.1002/ldr.2904>>

GAO, W. Q.; WANG, P.; WU, Q. S. Functions and Application of Glomalin-Related Soil Proteins: A Review. **Sains Malaysiana**, Kuala Lumpur, v. 48, n. 1, p. 111–119, 2019. <<http://dx.doi.org/10.17576/jsm-2019-4801-13>>

GARDES, M.; BRUNS, T. D. Its primers with enhanced specificity for basidiomycetes: application to the identification of mycorrhizal rusts. **Molecular Ecology**, Malden, v. 2, p. 113-118, 1993.

GIANFREDA, L.; RAO, M. A. **Soil Enzyme Activities for Soil Quality Assessment**. In: SANCHEZ-HERNANDEZ, J. C. (Ed.), *Bioremediation of Agricultural Soils*, CRC Taylor & Francis Group. p. 239, 2019.

GOMES, C. C. Potencial utilitário da vegetação lenhosa em área de Caatinga no estado de Pernambuco, nordeste do Brasil. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 29, n. 1, p. 307-321, 2019. <<https://doi.org/10.5902/1980509812438>>

GOMES, H. A.; SANTOS, E. J. dos; POLÔNIA, J. A. L.; DANTAS, J. R. A.; COUTINHO, P. da N.; MANSO, V. do A. V.; FRANCO, B. de A.; SOBRINHO, A. C. P. de L.; SANTOS, C. A.; MEDEIROS, V. C. de; OLIVEIRA, R. G. de; LINS, C. A. C.; LEÃO NETO, R.; NÓBREGA, M.; FREIRE, A. G.; LIMA, J. B. de; NEVES, J. A. da C. L. **Geologia e recursos minerais do estado de Pernambuco**. Recife. Escala 1.500.000, 215 p. 2001.

GOMES, L. C.; FARIA, R. M.; SOUZA, E. de; VELOSO, G. V.; SCHAEFER, C. E. G. R.; FERNANDES FILHO, E. I. Modelling and mapping soil organic carbon stocks in Brazil. **Geoderma**, Amsterdam, v. 340, p. 337-350, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.01.007>>

GONÇALVES, V. A.; MELO, C. A. D.; ASSIS, I. R. de; FERREIRA, L. R.; SARAIVA, D. T. Biomassa e atividade microbiana de solo sob diferentes sistemas de plantio e sucessões de culturas. **Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, Belém, v. 62, p. 1-8, 2019. <<http://dx.doi.org/10.22491/rca.2019.2611>>

HENDRIKSEN, N. B.; CREAMER, R. E.; STONE, D.; WINDING, A. Soil exo-enzyme activities across Europe—The influence of climate, land-use and soil properties. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 97, p. 44-48, 2016. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.apsoil.2015.08.012>>

HOU, J.; DIJKSTRA, F. A.; ZHANG, X.; WANG, C.; LÜ, X.; WANG, P.; HAN, X.; CHENG, W. Aridity thresholds of soil microbial metabolic indices along a 3,200 km transect across arid and semi-arid regions in Northern China. **Journal of Life and Environmental Sciences - PeerJ**, Corte Madera, v. 7, p. e6712, 2019. <<http://dx.doi.org/10.7717/peerj.6712>>

HORI, Y.; STUHLBERGER, C.; SIMONETT, O. **Desertification: a visual synthesis**. United Nations Convention to Combat Desertification (UNCCD), 50 p., 2011.

HSIAO, C. J.; SASSENATH, G. F.; ZEGLIN, L. H.; HETTIARACHCHI, G. M.; RICE, C. W. Vertical changes of soil microbial properties in claypan soils. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 121, p. 154-164, 2018. <<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.03.012>>

HU, Y.; ZHANG, Z.; HUANG, L.; QI, Q.; LIU, L.; ZHAO, Y.; WANG, Z.; ZHOU, H.; LV, X.; MAO, Z.; YANG, Y.; ZHOU, J.; KARDOL, P. Shifts in soil microbial community functional gene structure across a 61-year desert revegetation chronosequence. **Geoderma**, Amsterdam, v. 347, p. 126-134, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.03.046>>

HUANG, L.; RIGGINS, C. W.; RODRÍGUEZ-ZAS, S.; ZABALOY, M. C.; VILLAMIL, M. B. Long-term N fertilization imbalances potential N acquisition and transformations by soil microbes. **Science of the Total Environment**, Amsterdam, v. 691, p. 562-571, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.07.154>>

HUANG, W.; FENG, S.; LIU, C.; CHEN, J.; CHEN, J.; CHEN, F. Changes of climate regimes during the last millennium and the twenty-first century simulated by the Community Earth System Model. **Quaternary Science Reviews**, Oxford, v. 180, p. 42-56, 2018. <<https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2017.11.019>>

LANFREDI, M.; COPPOLA, R.; SIMONIELLO, T.; COLUZZI, R.; D'EMILIO, M.; IMBRENDA, V.; MACCHIATO, M. Early identification of land degradation hotspots in complex Bio-Geographic Regions. **Remote Sensing**, Basel, v. 7, n. 6, p. 8154-8179, 2015.

LEVY-BOOTH, D. J.; PRESCOTT, C. E.; GRAYSTON, S. J. Microbial functional genes involved in nitrogen fixation, nitrification and denitrification in forest ecosystems. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 75, p. 11-25, 2014. <<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2014.03.021>>

LI, H.; XU, Z.; YAN, Q.; YANG, S.; VAN NOSTRAND, J. D.; WANG, Z.; HE, Z.; ZHOU, J.; JIANG, Y.; DENG, Y. Soil microbial beta-diversity is linked with compositional variation in aboveground plant biomass in a semi-arid grassland. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 423, p. 465-480, 2018. <<https://doi.org/10.1007/s11104-017-3524-2>>

LIU, S.; SHEN, H.; ZHAO, X.; ZHOU, L.; LI, H.; XU, L.; XING, A.; FANG, J. Estimation of plot-level soil carbon stocks in China's forests using intensive soil sampling. **Geoderma**, Amsterdam, v. 348, p. 107-114, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.04.029>>

JACOMINE, P. T.; CAVALCANTI, A. C.; BURGOS, N.; PESSOA, S. C. P.; SILVEIRA, C. O. **Levantamento exploratório-reconhecimento de solos do Estado de Pernambuco**. Divisão de Pesquisa Pedológica, v. 1. Recife, Boletim Técnico 26, Pedologia 14, 1973. Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/331168>>

JACOMINE, P. K. T. **Caracterização do estágio atual dos solos sob caatinga**. In: Araújo, Q. R. (Org.), 500 Anos de Uso do Solo no Brasil. Reunião Brasileira de Manejo e Conservação de solo, 13, Ilhéus-BA, UESC, 2002, p. 365-397.

JIN, X.; LIU, Y.; HU, W.; WANG, G.; KONG, Z.; WU, L.; GE, G. Soil bacterial and fungal communities and the associated nutrient cycling responses to forest conversion after selective logging in a subtropical forest of China. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 444, p. 308-317, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.04.032>>

JONES, D. L.; MAGTHAB, E. A.; GLEESON, D. B.; HILL, P. W.; SÁNCHEZ-RODRÍGUEZ, A. R.; ROBERTS, P.; GE, T.; MURPHY, D. V. Microbial competition for nitrogen and carbon is as intense in the subsoil as in the topsoil. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 117, p. 72-82, 2018.

<<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2017.10.024>>

KESHRI, J.; YOUSUF, B.; MISHRA, A.; JHA, B. The abundance of functional genes, *cbbL*, *nifH*, *amoA*, and *apsA*, and bacterial community structure of intertidal soil from Arabian Sea. **Microbiological Research**, v. 17, p. 57-66, 2015.

<<http://dx.doi.org/10.1016/j.micres.2015.02.007>>

KHALILOVA, E. A.; KOTENKO, S. Ts.; ISLAMMAGOMEDOVA, E. A.; GASANOV, R. Z.; ABAKAROVA, A. A.; ALIVERDIEVA, D. A. Extremophilic Microbial Communities of Saline Soils and Their Diversity in the Regions of the Caspian Depression. **Arid Ecosystems**, Moscou, v. 7, n. 2, p. 116–120, 2017.

KIM, M.; BOLDGIV, B.; SINGH, D.; CHUN, J.; LKHAGVA, A.; ADAMS, J. M. Structure of soil bacterial communities in relation to environmental variables in a semi-arid region of Mongolia. **Journal of Arid Environments**, London, v. 89, p. 38-44, 2013.

<<https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2012.09.014>>

KOOHAFKAN, P.; STEWART, B. A. **Water and cereals**. The Food and Agriculture Organization of the United Nations and Earthscan, Rome, 2012. 133p.

KOWALCHUK, G. A.; STEPHEN, J. R.; DE BOER, W.; PROSSER, J. I.; EMBLEY, T. M.; WOLDENDORP, J. W. Analysis of ammonia-oxidizing bacteria of the beta subdivision of the class Proteobacteria in coastal sand dunes by denaturing gradient gel electrophoresis and sequencing of PCR-amplified 16S ribosomal DNA fragments. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 63, n. 4, p. 1489-1497, 1997.

LANZA, M.; HARO, R.; CONCHILLO, L. B.; BENITO, B. The endophyte *Serendipita indica* reduces the sodium content of *Arabidopsis* plants exposed to salt stress: fungal ENA ATPases are expressed and regulated at high pH and during plant co- cultivation in salinity. **Environmental microbiology**. Malden. <<https://doi.org/10.1111/1462-2920.14619>>

LEAL, I. R.; TABARELLI, M.; SILVA, J. M. C. **Ecologia e conservação da Caatinga**. Editora Universitária, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil, 2003. 822 p.

MARTINS, C. M.; GALINDO, I. C. de L.; SOUZA, E. R. de; POROCA, H. A. Atributos químicos e microbianos do solo de áreas em processo de desertificação no Semiárido de Pernambuco. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 34, n. 6, Viçosa, 2010.

<<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06832010000600012>>

MARTINS, J. R.; FERNANDES, L. A.; OLIVEIRA, A. L. G.; SAMPAIO, R. A.; FRAZÃO, L. A. Soil Microbial Attributes Under Agroforestry Systems in the Cerrado of Minas Gerais. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 25, n. 1, e20160476, 2018.

<<http://dx.doi.org/10.1590/2179-8087.047616>>

MEA. Millennium Ecosystem Assessment. **Ecosystems and Human Well-Being: Synthesis**. Island Press, Washington, DC (2005).

MEDEIROS, A. de S.; SILVA, T. S. da; SILVA, A. V. L. da; BARROS, D. R. S.; MAIA, S. M. F. Organic carbon, nitrogen and the stability of Soil aggregates in areas converted from sugar cane To eucalyptus in the state of Alagoas. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 42, n. 4, e420404, 2018. <<http://dx.doi.org/10.1590/1806-90882018000400004>>

MEDEIROS, E. V. de; DUDA, G. P.; SANTOS, L. A. R. dos; LIMA, J. R. de S.; ALMEIDA-CORTÊZ, J. S. de; HAMMECKER, C.; LARDY, L.; COURNAC, L. Soil organic carbon, microbial biomass and enzyme activities responses to natural regeneration in a tropical dry region in Northeast Brazil. **Catena**, Amsterdam, v. 151, p. 137–146, 2017. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.catena.2016.12.012>>

MELO, C. L. S. M. S. de; FERREIRA, R. L. C.; SILVA, J. A. A. da; MACHUCA, M. A. H.; CESPEDES, G. H. G. Dynamics of dry tropical forest after three decades of vegetation suppression. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 26, n. 3, e20171163, 2019. <<https://doi.org/10.1590/2179-8087.116317>>

MENDONÇA, E. S.; MATOS, E. S. **Matéria orgânica do solo: métodos de análises**. Viçosa: UFV; 2005. 107 p.

MENG, H.; ZHOU, Z.; WU, R.; WANG, Y.; GU, J. D. Diazotrophic microbial community and abundance in acidic subtropical natural and re-vegetated forest soils revealed by high-throughput sequencing of nifH gene. **Applied Microbiology and Biotechnology**, Nova York, v. 103, p. 995-1005, 2019. <<https://doi.org/10.1007/s00253-018-9466-7>>

MOREIRA, F. M. de S., SIQUEIRA, J.O. 2006. **Microbiologia e bioquímica do solo**. 2a ed. UFLA, Lavras, Brasil. 729 p.

MOREIRA, F. M de S.; DA SILVA, K.; NÓBREGA, R. S. A.; DE CARVALHO, F. Bactérias diazotróficas associativas: diversidade, ecologia e potencial de aplicações. **Comunicata Scientiae**, Piauí, v. 1, n. 2, p. 74-99, 2010.

MOREIRA, F. T. A.; ARAÚJO, L. V. C.; SILVA, V.; ALENCAR, V.; HENRIQUES, I. G. N. Floristic Characterization and Phytosociology of a Vegetation in a Caatinga Area in Brazil. **Journal of Experimental Agriculture International**, Hooghly, v. 30, n. 5, p. 1-10, 2019.

MUYZER, G.; DEWAAL, E. C.; UITTERLINDEN, A. G. Profiling of complex microbial-populations by denaturing gradient gel-electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes-coding for 16S ribosomal-RNA. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 59, p. 695-700, 1993.

NAKAYAMA, M.; IMAMURA, S.; TANIGUCHI, T.; TATENO, R. Does conversion from natural forest to plantation affect fungal and bacterial biodiversity, community structure, and co-occurrence networks in the organic horizon and mineral soil? **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 446, p. 238-250, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.05.042>>

NESME, J.; ACHOUAK, W.; AGATHOS, S. N.; BAILEY, M.; BALDRIAN, P.; BRUNEL, D.; FROSTEGÅRD, Å.; HEULIN, T.; JANSSON, J. K.; JURKEVITCH, E.; KRUIUS, K. L.; KOWALCHUK, G. A.; LAGARES, A.; LAPPIN-SCOTT, H.; LEMANCEAU, P.; LE PASLIER, D.; MANDIC-MULEC, I.; MURRELL, J. C.; MYROLD, D. D.; NALIN, R.; NANNIPIERRI, P.; NEUFELD, J. D.; O'GARA, F.; PARNELL, J. J.; PÜHLER, A.; PYRLO, V.; RAMOS, J. L.; ROESCH, L. F. W.; SCHLOTTER, M.; SCHLEPER, C.; SCZYRBA, A.; SESSITSCH, A.; SJÖLING, S.; SØRENSEN, J.; SØRENSEN, S. J.; TEBBE, C. C.; TOPP, E.; TSIAMIS, G.; VAN ELSAS, J. D.; VAN KEULEN, G.; WIDMER, F.; WAGNER, M.; ZHANG, T.; ZHANG, X.; ZHAO, L.; ZHU, Y. G.; VOGEL, T. M.; SIMONET, P. Back to the Future of Soil Metagenomics. **Frontiers in Microbiology**, Lausana, v. 7, Article 73, 2016. <<https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00073>>

NEVES, L. V. de M. W. **Pedogênese e diversidade microbiana em Planossolos sob processo de desertificação na região Semiárida de Pernambuco**. 2018. 181 p. Tese (Doutorado em Ciência do Solo) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2018.

NUNES, G. F. de O.; MENEZES, K. A. S.; SAMPAIO, A. A.; LEITE, J.; FERNANDES-JÚNIOR, P. I.; SEIDO, S. L.; ZILLI, J. E.; MARTINS, L. M. V. Polyphasic characterization of forage legumes root nodule bacteria isolated from semiarid region in Brazil. **Revista de Ciências Agrárias**, Recife, v. 41, n. 3, p. 612-624, 2018.

OLIVEIRA, G. de; ARAÚJO, M. B.; RANGEL, T. F.; ALAGADOR, D.; DINIZ-FILHO, J. A. F. Conserving the Brazilian semiarid (Caatinga) biome under climate change. **Biodiversity & Conservation**, Dordrecht, v. 21, p. 2913–2926, 2012. <<https://doi.org/10.1007/s10531-012-0346-7>>

OLIVEIRA, P. A. do N.; SANTOS, J. M. F. F. dos; ARAÚJO, E. de L.; SANTOS, D. M. dos; SANTOS, A. M. M.; SILVA, K. A. da. Natural regeneration of the vegetation of an abandoned agricultural field in a semi-arid region: a focus on seed bank and above-ground vegetation. **Brazilian Journal of Botany**, São Paulo, v. 42, n. 1, p. 43–51, 2019.

OUYANG, Y.; LI, X. Recent research progress on soil microbial responses to drying–rewetting cycles. **Acta Ecologica Sinica**, Pequim, v. 33, n. 1, p. 1-6, 2013. <<https://doi.org/10.1016/j.chnaes.2012.12.001>>

PANG, D.; WANG, G.; LIU, Y.; CAO, J.; WAN, L.; WU, X.; ZHOU, J. The Impacts of Vegetation Types and Soil Properties on Soil Microbial Activity and Metabolic Diversity in Subtropical Forests. **Forests**, Basel, v. 10, n. 6, 497, 2019. <<http://dx.doi.org/10.3390/f10060497>>

PATWARDHAN, A.; RAY, S.; ROY, A. Molecular Markers in Phylogenetic Studies – A Review. **Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology**, Chicago, v. 2, n. 2, 1000131, 2014. <<http://dx.doi.org/10.4172/2329-9002.1000131>>

PENN, C. J.; CAMBERATO, J. J. A Critical Review on Soil Chemical Processes that Control How Soil pH Affects Phosphorus Availability to Plants. **Agriculture**, Basel, v. 9, n. 6, 120, 2019. <<https://doi.org/10.3390/agriculture9060120>>

PÉREZ-BRANDAN, C.; MEYER, A.; MERILES, J. M.; HUIDOBRO, J.; SCHLOTTER, M.; VARGAS-GIL, S. Relationships between soil physicochemical properties and nitrogen fixing, nitrifying and denitrifying under varying land-use practices in the northwest region of Argentina. **Soil and Water Research**, Prague, v. 14, n. 1, p. 1-9, 2019. <<https://doi.org/10.17221/192/2017-SWR>>

PEREZ-MARIN, A. M.; CAVALCANTI, A. M. B.; MEDEIROS, S. S.; TINÔCO, L. B. M.; SALCEDO, I. H. Núcleos de desertificação no semiárido brasileiro: ocorrência natural ou antrópica? **Parcerias Estratégicas**, Brasília-DF, v. 17, n. 34, p. 87-106, 2012.

POLY, F.; MONROZIER, L. J.; BALLY, R. Improvement in the RFLP procedure for studying the diversity of nifH genes in communities of nitrogen fixers in soil. **Research in Microbiology**, Amsterdam, v. 152, n. 1, p. 95-103, 2001. <[https://doi.org/10.1016/S0923-2508\(00\)01172-4](https://doi.org/10.1016/S0923-2508(00)01172-4)>

PREECE, C.; VERBRUGGEN, E.; LIU, L.; WEEDON, J. T.; PEÑULAS, J. Effects of past and current drought on the composition and diversity of soil microbial communities. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 131, p. 28-39, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.12.022>>

PROSSER, J. I. Dispersing misconceptions and identifying opportunities for the use of 'omics' in soil microbial ecology. **Nature Reviews Microbiology**, London, v. 13, p. 439–446, 2015. <<https://doi.org/10.1038/nrmicro3468>>

PYLRO, V. S.; ROESCH, L. F. W.; ORTEGA, J. M.; AMARAL, A. M. do; TÓTOLA, M. R.; HIRSCH, P. R.; ROSADO, A. S.; GÓES-NETO, A.; SILVA, A. L. da C. da; ROSA, C. A.; MORAIS, D. K.; ANDREOTE, F. D.; DUARTE, G. F.; MELO, I. S. de; SELDIN, L.; LAMBAIS, M. R.; HUNGRIA, M.; PEIXOTO, R. S.; KRUGER, R. H.; TSAI, S. M.; AZEVEDO, V. Brazilian Microbiome Project: Revealing the Unexplored Microbial Diversity—Challenges and Prospects. **Microbial Ecology**, Nova York, v. 67, n. 2, p. 237-241, 2014. <<https://doi.org/10.1007/s00248-013-0302-4>>

RAGOT, S. A.; KERTESZ, M. A.; BÜNEMANN, E. K. *phoD* Alkaline Phosphatase Gene Diversity in Soil. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 81, n. 20, p. 7281-7289, 2015. <<https://doi.org/10.1128/AEM.01823-15>>

RAGOT, S. A.; KERTESZ, M. A.; MÉSZÁROS, E.; FROSSARD, E.; BUNEMANN, E. K. Soil *phoD* and *phoX* alkaline phosphatase gene diversity responds to multiple environmental factors. **FEMS Microbiology Ecology**, Oxford, v. 93, fiw212, 2017. <<https://doi.org/10.1093/femsec/fiw212>>

RAIESI, F.; BEHESHTI, A. Microbiological indicators of soil quality and degradation following conversion of native forests to continuous croplands. **Ecological Indicators**, Amsterdam, v. 50, p. 173–185, 2015. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.ecolind.2014.11.008>>

RAJAUD, A.; NOBLET-DUCOUDRÉ, N. de. Tropical semi-arid regions expanding over temperate latitudes under climate change. **Climatic Change**, Dordrecht, v. 144, p. 703–719, 2017. <<https://doi.org/10.1007/s10584-017-2052-7>>

RENGASAMYA, P.; TAVAKKOLI, E.; MCDONALD, G. K. Exchangeable cations and clay dispersion: net dispersive charge, a new concept for dispersive soil. **European Journal of Soil Science (EJSS)**, Paris, v. 67, n. 5, p. 659-665, 2016.
<<http://dx.doi.org/10.1111/ejss.12369>>

SAKURAI, M.; WASAKI, J.; TOMIZAWA, Y.; SHINANO, T.; OSAKI, M. Analysis of bacterial communities on alkaline phosphatase genes in soil supplied with organic matter. **Soil Science and Plant Nutrition**, Malden, v. 54, p. 62-71, 2008.
<<http://dx.doi.org/10.1111/j.1747-0765.2007.00210.x>>

SALCEDO, I. H.; SAMPAIO, E. V. S. B. **Matéria Orgânica do Solo no Bioma Caatinga**. In: SANTOS, G. de A.; CAMARGO, F. Fundamentos da matéria orgânica do solo: ecossistemas tropicais e subtropicais. 2. ed. Porto Alegre: Metrópole, 2008. p. 419- 441.

SANTANA, A. S.; CHAVES, J. da S.; SANTANA, A. S.; RODRÍGUEZ, C. A.; de MORAES, E. R. Biomassa microbiana em diferentes sistemas de manejo do solo no sul do estado de Roraima. **Revista Brasileira de Ciências da Amazônia**, Porto Velho, v. 6, n. 1, p. 43-50, 2017.

SANTANA, M. da S.; SAMPAIO, E. V. de S. B.; GIONGO, V.; MENEZES, R. S. C.; JESUS, K. N. de; ALBUQUERQUE, E. R. G. M. de; NASCIMENTO, D. M. do; PAREYN, F. G. C.; CUNHA, T. J. F.; SAMPAIO, R. M. B.; PRIMO, D. C. Carbon and nitrogen stocks of soils under different land uses in Pernambuco state, Brazil. **Geoderma Regional**, Madison, v. 16, art. n. e00205, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geodrs.2019.e00205>>

SANTOS, M. C. dos. **Solos do Semiárido do Brasil**. Cadernos do Semiárido: Riquezas e Oportunidades, n.10, p.17-55, 2017.

SANTOS, R. D.; LEMOS, R. C.; SANTOS, H. G.; KER, J. C.; ANJOS, L. H. C.; SHIMIZU, S. H. **Manual de descrição e coleta de solos no campo**. 6. ed. Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, Viçosa, 2015. 100p.

SANTOS, V. L. da S.; SILVA, C. F. da; PEREIRA, M. G.; BERBARA, R. L. L. Comunidade de fungos micorrízicos arbusculares e glomalina em ecossistemas de Mata Seca, Brasil. **Revista de la Facultad de Agronomía**, La Plata, v. 117, n. 1, p. 13-21, 2018.

SAVIOZZI, A.; BUFALINO, P.; LEVI-MINZI, R.; RIFFALDI, R. Biochemical activities in a degraded soil restored by two amendments: a laboratory study. **Biology and Fertility of Soils**, Nova York, v. 35, p. 96-101, 2002. <<https://doi.org/10.1007/s00374-002-0445-9>>

SCHIMEL, J.; BECERRA, C. A.; BLANKINSHIP, J. Estimating decay dynamics for enzyme activities in soils from different ecosystems. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 114, 5e11, 2017. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.soilbio.2017.06.023>>

SCHLOTTER, M.; NANNIPIERI, P.; SØRENSEN, S. J.; VAN ELSAS, J. D. Microbial indicators for soil quality. **Biology and Fertility of Soils**, Nova York, v. 54, p. 1-10, 2018. <<https://doi.org/10.1007/s00374-017-1248-3>>

SCHULZ, K.; VOIGT, V.; BEUSCH, C.; ALMEIDA-CORTEZ, J. S.; KOWARIK, I.; WALZ, A.; CIERJACKS, A. Grazing deteriorates the soil carbon stocks of Caatinga forest ecosystems in Brazil. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 367, p. 62–70, 2016. <<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2016.02.011>>

SHIFERAW, A.; YIMER, F.; TUFFA, S. Changes in Soil Organic Carbon Stock Under Different Land Use Types in Semiarid Borana Rangelands: Implications for CO₂ Emission Mitigation in the Rangelands. **Journal of Agricultural Science and Food Research**, Barcelona, v. 10, n. 1, 1000254, 2019.

SILVA, A. F. da; FREITAS, A. D. S. de; COSTA, T. L.; FERNANDES-JÚNIOR, P. I.; MARTINS, L. M. V.; SANTOS, C. E. de R. e S.; MENEZES, K. A. S.; SAMPAIO, E. V. de S. B. Biological nitrogen fixation in tropical dry forests with different legume diversity and abundance. **Nutrient Cycling in Agroecosystems**, Dordrecht, v. 107, p. 321–334, 2017. <<http://dx.doi.org/10.1007/s10705-017-9834-1>>

SILVA, E. de O.; MEDEIROS, E. V. de; DUDA, G. P.; LIRA-JUNIOR, M. A.; BROSSARD, M.; OLIVEIRA, J. B. de; SANTOS, U. J. dos; HAMMECKER, C. Seasonal effect of land use type on soil absolute and specific enzyme activities in a Brazilian semi-arid region. **Catena**, Amsterdam, v. 172, p. 397–407, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.catena.2018.09.007>>

SILVA, V. R. F. da. **Gênese de Luvisolos ao longo de uma climosequência sobre anfibolito no Semiárido de Pernambuco**. 2018. 94 f. Dissertação (Mestrado em Ciências do Solo) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2018.

SIMONET, P.; GROSJEAN, M. C.; MISRA, A. K.; NAZARET, S.; COURNOYER, B.; NORMAND, P. Frankia genus-specific characterization by polymerase chain reaction. **Applied Environmental Microbiology**, Washington, v. 57, n. 11, p. 3278–3286, 1991.

SIMPSON, R. M.; MASON, K.; ROBERTSON, K.; MÜLLER, K. Relationship between soil properties and enzyme activities with soil water repellency. **Soil Research**, Collingwood, 2019. <<https://doi.org/10.1071/SR18199>>

SMIT, E.; LEEFLANG, P.; GLANDORF, B.; VAN ELSAS, J. D.; WERNARS, K. Analysis of Fungal Diversity in the Wheat Rhizosphere by Sequencing of Cloned PCR-Amplified Genes Encoding 18S rRNA and Temperature Gradient Gel Electrophoresis. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 65, n. 6, p. 2614–2621, 1999.

SOARES, D. B.; NÓBREGA, R. S.; MOTA-FILHO, F. de O. Mapeamento do percentual de solo exposto em área suscetível à desertificação em Pernambuco, Brasil. **Revista Brasileira de Cartografia**, Rio de Janeiro, v. 69, n. 9, p. 1789–1796, 2017.

SOBUCKI, L.; RAMOS, R. F.; BELLÉ, C.; ANTONIOLLI, Z. I. Manejo e qualidade biológica do solo: uma análise. **Revista Agronomia Brasileira**, Jaboticabal, v. 3, p. 1–4, 2019. <<http://doi.org/10.29372/rab201904>>

SONG, Z.; WANG, J.; LIU, G.; ZHANG, C. Changes in nitrogen functional genes in soil profiles of grassland under long-term grazing prohibition in a semiarid area. **Science of the Total Environment**, Amsterdam, v. 673, p. 92–101, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.04.026>>

SOUSA, A. K. O.; TRIGUEIRO, E. R. C.; BEZERRA, C. L. F.; SOUSA, S. C.; OLIVEIRA, V. P. V. Análise comparativa da diversidade florística de dois núcleos de desertificação no semiárido nordestino. **Revista Geociências do Nordeste**, Caicó, v. 2, n. Especial, p. 950-960, 2016.

SOUZA, B. V. de; SOUTO, P. C.; SOUTO, J. S.; SALES, F. das C. V.; SOUZA-JUNIOR, C. M. P. de. Carbon in soil in different phisionomies of Caatinga in Paraíba, Brazil. **Floresta**, Curitiba, v. 49, n. 2, p. 287-296, 2019. <<http://dx.doi.org/10.5380/rev.v49i2.57579>>

SOUSA, C. da S.; MENEZES, R. S. C.; SAMPAIO, E. V. de S. B.; LIMA, F. de S.; MAIA, L. C.; OEHL, F. Arbuscular mycorrhizal fungi in successional stages of caatinga in the semi-arid region of brazil. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 24, n. 1, p. 137-148, 2014.

SUN, L.; SANG, C.; WANG, C.; FAN, Z.; PENG, B.; JIANG, P.; XIA, Z. N₂O production in the organic and mineral horizons of soil had different responses to increasing temperature. **Journal of Soils and Sediments**, Heidelberg, v. 19, n 146, p. 11-13, 2019. <<https://doi.org/10.1007/s11368-019-02316-4>>

TABATABAI, M. A. Soil enzymes. In: Weaver, R.W. (Ed.), *Methods of Soil Analysis. Part 2: Microbiological and Biochemical Properties*. **Soil Science Society of America**, Madison, v. 5, p. 778-833, 1994.

TAKETANI, R. G.; LANÇONI, M. D.; KAVAMURA, V. N.; DURRER, A.; ANDREOTE, F. D.; MELO, I. S. Dry Season Constrains Bacterial Phylogenetic Diversity in a Semi-Arid Rhizosphere System. **Microbial Ecology**, Nova York, v. 73, p. 153-161, 2017.

TANDON, A.; FÁTIMA, T.; ANSHU; SHUKLA, D.; TRIPATHI, P.; SRIVASTAVA, S.; SINGH, P. C. Phosphate solubilization by *Trichoderma koningiopsis* (NBRI-PR5) under abiotic stress conditions. **Journal of King Saud University – Science**, Riad, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.jksus.2019.02.001>>

TAVARES, V. C.; ARRUDA, I. R. P. de; SILVA, D. G. da. Desertificação, mudanças climáticas e secas no Semiárido brasileiro: uma revisão bibliográfica. **Geosul**, Florianópolis, v. 34, n. 70, p. 385-405, 2019. <<http://dx.doi.org/10.5007/2177-5230.2019v34n70p385>>

TOURNA, M.; FREITAG, T. E.; NICOL, G. W.; PROSSER, J. I. Growth, activity and temperature responses of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in soil microcosms. **Environmental Microbiology**, Malden, v. 10, n. 5, p. 1357-1364, 2008. <<http://dx.doi.org/10.1111/j.1462-2920.2007.01563.x>>

TRAN, T. M.; AGHILI, A.; Li, S.; ONGOIBA, A.; KAYENTAO, K.; DOUMBO, S.; TRAORE, B.; CROMPTON, P. D. A nested real-time PCR assay for the quantification of *Plasmodium falciparum* DNA extracted from dried blood spots. **Malaria Journal**, London, v. 13, Article 393, 2014. <<http://www.malariajournal.com/content/13/1/393>>

TYAGI, S.; TYAGI, S.; MAHAJAN, N. C.; KUMAR, R.; SHARMA, P.; NARESH, R. K. Minimal soil disturbance and residue retention increasing soil organic stocks and soil microbial biomass in Typic Ustochrept soil: A review. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, Rohini, v. 8, n. 2, p. 1172-1178, 2019.

UNFCCC, FCCC/CP/2015/L.9/Rev.1. Conference of the Parties: **Adoption of the Paris Agreement**, p. 1-32, 2015. UNFCCC, Paris, France.

VANDERKLIFT, M. A.; GORMAN, D.; STEVEN, A. D. L. Blue carbon in the Indian Ocean: a review and research agenda. **Journal of the Indian Ocean Region**, Adelaide, v. 15, n. 2, p. 129-138, 2019. <<https://doi.org/10.1080/19480881.2019.1625209>>

VILAR, H. N.; MEDEIROS, R. M. de. Índice de aridez na Zona da Mata no Estado de Pernambuco – Brasil. **Journal of Environmental Analysis and Progress**, Recife, v. 04, n. 01, p. 014-020, 2019. <<https://doi.org/10.24221/jeap.4.1.2019.2093.014-020>>

VILLARINO, S. H.; STUDDERT, G. A.; BALDASSINI, P.; CENDOYA, M. G.; CIUFFOLI, L.; MASTRÁNGELO, M.; PIÑEIRO, G. Deforestation impacts on soil organic carbon stocks in the Semiarid Chaco Region, Argentina. **Science of the Total Environment**, Amsterdam, v. 575 p. 1056-1065, 2017. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.09.175>>

WADE, A. M.; RICHTER, D. D.; MEDJIBE, V. P.; BACON, A. R.; HEINE, P. R.; BRANCO, L. J. T.; POULSEN, J. R. Estimates and determinants of stocks of deep soil carbon in Gabon, Central Africa. **Geoderma**, Amsterdam, v. 341, p. 236-248, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.01.004>>

WEISBURG, W. G.; BARNS, S. M.; PELLETIER, D. A.; LANE, D. J. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. **Journal of Bacteriology**, Washington, v. 173, n. 2, p. 697-703, 1991. <<https://doi.org/10.1128/jb.173.2.697-703.1991>>

WHITE, T. J.; BRUNS, T.; LEE, S.; TAYLOR, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M.A.; GELFAND, D.H.; SNINSKY, J.J.; WHITE, T.J (Ed). **PCR protocols: a guide to methods and applications**. San Diego, Academic Press, 1990. p. 315-322.

WILLY, D. K.; MUYANGA, M.; MBUVI, J.; JAYNE, T. The effect of land use change on soil fertility parameters in densely populated areas of Kenya. **Geoderma**, Amsterdam, v. 343, n. 1, p. 254-262, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.02.033>>

WRIGHT, S. F.; UPADHYAYA, A. Extraction of an Abundant and Unusual Protein from Soil and Comparison with Hyphal Protein of Arbuscular Mycorrhizal Fungi. **Soil Science**, Oxford, v. 161, p. 575-586, 1996. <<http://dx.doi.org/10.1097/00010694-199609000-00003>>

WRIGHT, S. F.; UPADHYAYA, A. A Survey of Soils for Aggregate Stability and Glomalin, a Glycoprotein Produced by Hyphae of Arbuscular Mycorrhizal Fungi. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 198, p. 97-107, 1998. <<http://dx.doi.org/10.1023/A:1004347701584>>

XAVIER, J. P. de S.; BARROS, A. H. C.; WEBBER, D. C.; ACCIOLY, L. J. de O.; MARQUES, F. A.; ARAUJO FILHO, J. C. de; SILVA, A. B. da. Estimativa da erosividade da chuva por diferentes métodos e seu impacto na equação universal de perdas de solo, no semiárido pernambucano. **Revista Brasileira de Geografia Física**, Recife, v. 12, n. 03, p. 859-875, 2019.

- XUE, L.; REN, H.; LI, S.; LENG, X.; YAO, X. Soil Bacterial Community Structure and Co-occurrence Pattern during Vegetation Restoration in Karst Rocky Desertification Area. **Frontiers in Microbiology**, Lausana, v. 8, Article 2377, p. 1-11, 2017. <<https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02377>>
- YAN, N.; MARSCHNER, P.; CAO, W.; ZUO, C.; QIN, W. Influence of salinity and water content on soil microorganisms. **International Soil and Water Conservation Research**, Tucson, v. 3, n. 4, p. 316-323, 2015. <<https://doi.org/10.1016/j.iswcr.2015.11.003>>
- YANAGAWA, A.; SASAKI, T.; JAMSRAN, U.; OKURO, T. TAKEUCHI, K. Factors limiting vegetation recovery processes after cessation of cropping in a semiarid grassland in Mongolia. **Journal of Arid Environments**, v. 131, p. 1-5, 2016. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.jaridenv.2016.03.008> 0140-1963>
- YOUNG, J. M.; SKVORTSOV, T.; KELLEHER, B. P.; MAHANEY, W. C.; SOMELAR, P.; ALLEN, C. C. R. Effect of soil horizon stratigraphy on the microbial ecology of alpine paleosols. **Science of the Total Environment**, Amsterdam, v. 657, p. 1183-1193, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.11.442>>
- ZHAO, J.; CHEN, S.; HU, R.; LI, Y. Aggregate stability and size distribution of red soils under different land uses integrally regulated by soil organic matter, and iron and aluminum oxides. **Soil Tillage Research**, Amsterdam, v. 167, p. 73–79, 2017. <<https://doi.org/10.1016/j.still.2016.11.007>>
- ZHAO, F. Z.; REN, C. J.; HAN, X. H.; YANG, G. H.; WANG, J.; DOUGHTY, R.; WANG, Z. T. Trends in soil microbial communities in afforestation ecosystem modulated by aggradation phase. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 441 p. 167–175, 2019. <<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.03.036>>
- ZHENG, T.; YANG, J.; ZHANG, J.; TANG, C.; LIAO, K.; LIU, Y. Factors contributing to aggregate stability at different particle sizes in ultisols from Southern China. **Journal of Soils and Sediments**, Heidelberg, v. 19, n. 3, p. 1342-1354, 2019. <<https://doi.org/10.1007/s11368-018-2143-8>>
- ZINGER, L.; GURY, J.; GIRAUD, F.; KRIVOBOK, S; GIELLY, L.; TABERLET, P.; GEREMIA, R. A. Improvements of Polymerase Chain Reaction and Capillary Electrophoresis Single-Strand Conformation Polymorphism Methods in Microbial Ecology: Toward a High-throughput Method for Microbial Diversity Studies in Soil. **Microbial Ecology**, Nova York, 54, p. 203–216, 2007. <<https://doi.org/10.1007/s00248-006-9151-8>>
- ZINN, Y. L.; MARRENJO, G. J.; SILVA, C. A. Soil C:N ratios are unresponsive to land use change in Brazil: A comparative analysis. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, Amsterdam, v. 255, n. 1, p. 62-72, 2018. <<https://doi.org/10.1016/j.agee.2017.12.019>>