



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS DO SOLO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA DO SOLO

ARLENE SANTISTEBAN CAMPOS

**MICROBIOMA DO SOLO ASSOCIADO AO CAJUEIRO (*Anacardium occidentale* L.):
COMPOSIÇÃO, DIVERSIDADE E FUNÇÕES**

FORTALEZA

2023

ARLENE SANTISTEBAN CAMPOS

MICROBIOMA DO SOLO ASSOCIADO AO CAJUEIRO (*Anacardium occidentale* L.):
COMPOSIÇÃO, DIVERSIDADE E FUNÇÕES

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do Título de doutora em Ciência do Solo. Área de concentração: Química, Fertilidade e Biologia do Solo.

Orientador: Prof. Dr. Paulo Furtado Mendes Filho.

Coorientadora: Dra. Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho.

FORTALEZA

2023

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- C21m Campos, Arlene Santisteban.
Microbioma do solo associado ao cajueiro (*Anacardium occidentale* L.): composição, diversidade e funções / Arlene Santisteban Campos. – 2023.
269 f. : il. color.
- Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, Fortaleza, 2023.
Orientação: Prof. Dr. Paulo Furtado Mendes Filho.
Coorientação: Profa. Dra. Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho.
1. *Anacardium occidentale* L.. 2. Comunidade microbiana. 3. Sequenciamento de DNA. 4. Qualidade do solo. 5. Enzimologia do solo. I. Título.

CDD 631.4

ARLENE SANTISTEBAN CAMPOS

MICROBIOMA DO SOLO ASSOCIADO AO CAJUEIRO (*Anacardium occidentale* L.):
COMPOSIÇÃO, DIVERSIDADE E FUNÇÕES

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do Título de doutora em Ciência do Solo. Área de concentração: Química, Fertilidade e Biologia do Solo.

Aprovada em: 19/04/2023.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Paulo Furtado Mendes Filho (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dra. Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho (Coorientadora)
Embrapa Agroindústria Tropical (CNPAT)

Dr. Ederson da Conceição Jesus
Embrapa Agrobiologia (CNPAB)

Dra. Ana Cecília Ribeiro de Castro
Embrapa Agroindústria Tropical (CNPAT)

Profa. Dra. Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Arthur Prudêncio de Araujo Pereira
Universidade Federal do Ceará (UFC)

À Deus,

ao meu esposo, Arthur,

aos meus pais, Alfredo e Arli,

às minhas filhas pet Melitcha (*in memorian*),

Pandora (*in memorian*) e Árya,

pelo amor e incentivo sempre dados.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Sempre em primeiro lugar, agradeço a Deus, pelo dom da vida, por me amparar nos momentos difíceis, me dar força interior para superar as dificuldades, indicar os caminhos nas horas incertas e me suprir em todas as minhas necessidades.

Ao meu amado esposo, Arthur Coelho, que sempre me apoia, lutando comigo em busca da conquista de meus sonhos e objetivos e que tanto me auxiliou no decorrer desta tese, desde a coleta dos solos, análises enzimáticas e de bioinformática.

Aos meus pais, Alfredo Santisteban e Maria Arli Campos, pela educação e apoio recebido em todos os momentos da minha vida.

À minha irmã, Arliene Santisteban, pelo carinho, compreensão e amizade, em todas as etapas de minha vida.

Ao professor e orientador Paulo Mendes, o meu sincero agradecimento, não somente pelos valiosos ensinamentos e orientações sobre a tese, mas também pela confiança e amizade em todos os momentos.

À Dra. Ana Cristina Carvalho, minha coorientadora, que, desde minha graduação, sempre me orientou com muito esmero e competência.

Aos grandes amigos e colegas de trabalho Dr. Ederson Jesus e Dr. Wardsson Borges, que me auxiliaram em diversas etapas do trabalho, sempre disponíveis, seja sanando minhas dúvidas, seja me auxiliando com as análises, mas também me apoiando dando-me forças e coragem para que eu pudesse desenvolver este trabalho.

À Dra. Ana Cecília Castro, que, como sempre, esteve ao meu lado contribuindo das mais diversas formas, desde o desenvolvimento do projeto, coleta dos solos, até as análises finais da tese.

À Dra. Patrícia Bordallo e à Myrella Tabosa, pela confiança, ensinamentos, conversas e auxílios durante o desenvolvimento desta tese.

Ao professor Vicente Faria pela disponibilidade e auxílio no momento da extração de DNA, contribuindo para o armazenamento e envio das amostras de DNA extraído para o sequenciamento.

À professora Cândida Bertini, que tive o privilégio de conhecer no projeto CASa da UFC e que no decorrer de minha vida acadêmica sempre torceu e contribuiu para meu desenvolvimento.

À amiga de longa data, Gislane Mendes, que sempre me apoiou, dando forças para continuar e por todos os momentos de descontração.

Aos amigos, integrantes dos Laboratório de Biologia do Solo da UFC, que me auxiliaram no desenvolvimento deste trabalho, bem como por todas as conversas em nossos períodos de descontração (e cafezinho também). Em especial ao Israel Pinheiro, Kaio Gráculo, Danilo Silva, Érika Maia e Jarlane Moreira.

Aos colegas contemporâneos de curso, por todo nosso desenvolvimento profissional nas mais diversas disciplinas que cursamos.

A todo o corpo docente do Departamento de ciências do solo da UFC por todo o ensinamento compartilhado, contribuindo direta e indiretamente para à minha formação, aprendizado e desenvolvimento profissional. Sobretudo ao professor Dr. Raimundo Assis Jr. por todas as conversas enriquecedoras nos corredores, bem como ao professor Jaedsson Mota, à professora Mírian Costa e o professor Arthur Pereira pela confiança e apoio para o desenvolvimento deste trabalho.

Aos amigos da Embrapa, Dr. Carlos Taniguchi, Natália Moura, Maria Ionete Nogueira, Dr. Gustavo Saavedra e Edilson Silva pela disponibilidade e auxílio nas diversas etapas desta tese.

À Universidade Federal do Ceará (UFC), por proporcionar minha formação desde a graduação, local onde pude adquirir minha bagagem de conhecimento.

À Embrapa Agroindústria Tropical, pela infraestrutura e financiamento de parte das atividades de pesquisa.

Ao Instituto federal de educação, ciência e tecnologia do Ceará (IFCE), campus Acaraú, por disponibilizar a infraestrutura para realização de parte das análises. Em especial ao Dr. Moacir Carvalho, Dra. Rafaela Maia, Dr. Manoel Paiva e Dr. Tarcísio Coutinho.

Aos proprietários e gerentes das fazendas e sítios, os quais foram coletadas as amostras de solo, pela disponibilidade e auxílio com alimentação e alojamento, sem os quais todo este trabalho teria sido inviabilizado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

“A chave que abre a porta para seus sonhos está escondida em seu íntimo”

(Carlos Wizard Martins)

Tua caminhada ainda não terminou...

A realidade te acolhe dizendo que pela frente o horizonte da vida necessita de tuas palavras e do teu silêncio.

Se amanhã sentires saudades, lembra-te da fantasia e sonha com tua próxima vitória. Vitória que todas as armas do mundo jamais conseguirão obter, porque é uma vitória que surge da paz e não do ressentimento. É certo que irás encontrar situações tempestuosas novamente, mas haverá de ver sempre o lado bom da chuva que cai e não a faceta do raio que destrói.

Tu és jovem.

Atender a quem te chama é belo, lutar por quem te rejeita é quase chegar à perfeição. A juventude precisa de sonhos e se nutrir de lembranças, assim como o leito dos rios precisa da água que rola e o coração necessita de afeto. Não faças do amanhã o sinônimo de nunca, nem o ontem te seja o mesmo que nunca mais. Teus passos ficaram.

Olhes para trás.... mas vá em frente pois há muitos que precisam que chegues para poderem seguir-te.

(Charles Chaplin)

RESUMO

O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), originário do Brasil, pertence à família Anacardiaceae sendo muito cultivado no nordeste brasileiro, onde ocupa lugar de destaque entre as frutíferas tropicais. Contudo, poucas são as informações acerca dos micro-organismos presentes no solo associado ao cajueiro. O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência dos genótipos de cajueiro, do manejo do solo, da sazonalidade e das condições edáficas sob a saúde e a estrutura microbiana presente no solo em quatro regiões produtoras de cajueiros. Foram realizadas coletas de solos nos municípios de Beberibe e Pacajus (Ceará), Serra do Mel (Rio Grande do Norte) e Pio IX (Piauí). Em cada uma dessas áreas, foram coletados solos sob cultivo de cajueiros dos genótipos comuns e da cultivar CCP 76, nas estações chuvosa e seca. Para a cultivar CCP 76 as coletas foram realizadas em áreas de cultivo sob duas intensidades de manejo. Foram realizadas análises químicas e físicas do solo. Para análise microbiana foram determinadas a respiração basal, o carbono da biomassa microbiana e os quocientes metabólico e microbiano. Foram realizadas análises enzimáticas de β -glicosidase (BGL), arilsulfatase (ARS) e fosfatases ácida (FAC) e alcalina (FAL). Foi realizado sequenciamento de DNA através da plataforma Illumina MiSeq, a partir da amplificação por PCR de genes 16S rRNA na região V4, primers 515F e 806R. Os dados do sequenciamento foram tratados e analisados no RStudio sendo verificados a curva de rarefação, as diversidades alfa (Simpson, Shannon e Chao1) e beta, a abundância dos taxa, a estrutura da comunidade por meio de análises escalonamento multidimensional não métrico (NMDS), seguido de uma análise de coordenadas principais (PCoA) e uma análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe), bem como análise de espécies indicadoras e de predição funcional. Conclui-se que a qualidade e a estrutura da comunidade microbiana do solo foram afetadas pelo genótipo, manejo, sazonalidade e por atributos edáficos das áreas analisadas. A natureza copiotrófica e oligotrófica de Bacillota e Actinomycetota, respectivamente, foi fator-chave para a diferenciação da diversidade microbiana do solo relacionado aos genótipos de cajueiros da região de Serra do Mel. Actinomycetota foi mais eficiente na utilização de recursos do que Bacillota. Solos com teores elevados de Fe e Cu tiveram maior abundância de taxa (bactérias e Archaea) oxidantes de amônia. O manejo foi um fator muito importante para o aumento da riqueza da microbiota do solo em Pacajus. A BGL se relacionou positivamente com o carbono orgânico total do solo e a ARS com bactérias do filo Proteobacteriota e Verrucomicrobiota.

Palavras-chave: *Anacardium occidentale* L.; comunidade microbiana; sequenciamento de DNA; qualidade do solo; enzimologia do solo.

ABSTRACT

The cashew tree (*Anacardium occidentale* L.), originally from Brazil, belongs to the Anacardiaceae family and is widely cultivated in northeastern Brazil, where it occupies a prominent place among tropical fruit trees. However, there is little information about the microorganisms present in the soil associated with the cashew tree. The objective of this work was to evaluate the influence of cashew tree genotypes, soil management, seasonality and edaphic conditions on the health and microbial structure present in the soil at four cashew producing regions. Soil collections were carried out in the municipalities of Beberibe and Pacajus (Ceará), Serra do Mel (Rio Grande do Norte) and Pio IX (Piauí). In each of these areas, soils under cultivation of cashew trees of the common genotypes and the CCP 76 cultivar were collected, in the rainy and dry seasons. For the cultivar CCP 76, the collections were carried out in areas of cultivation under two management intensities. Chemical and physical analyzes of the soil were carried out. For microbial analysis, basal respiration, microbial biomass carbon and metabolic and microbial quotients were determined. Enzymatic analyzes of β -glucosidase (BGL), arylsulfatase (ARS) and acid (FAC) and alkaline (FAL) phosphatases were performed. DNA sequencing was performed using the Illumina MiSeq platform, from PCR amplification of 16S rRNA genes in the V4 region, primers 515F and 806R. Sequencing data were treated and analyzed in RStudio, verifying the rarefaction curve, alpha (Simpson, Shannon and Chao1) and beta diversities, abundance of taxa, community structure through non-metric multidimensional scaling (NMDS) analyses, followed by a principal coordinate analysis (PCoA) and a discriminant linear effect size analysis (LEfSe), as well as indicator species analysis and functional prediction. It is concluded that the quality and structure of the soil microbial community were affected by the genotype, management, seasonality and edaphic attributes of the analyzed areas. The copytrophic and oligotrophic nature of Bacillota and Actinomycetota, respectively, was a key factor for the differentiation of soil microbial diversity related to cashew genotypes in the Serra do Mel region. Actinomycetota was more resource efficient than Bacillota. Soils with high levels of Fe and Cu had a greater abundance of taxa (bacteria and Archaea) oxidizing ammonia. Management was a very important factor for the increase in soil microbiota richness in Pacajus. BGL was positively related to total soil organic carbon and ARS to bacteria from the phylum Proteobacteriota and Verrucomicrobiota.

Keywords: *Anacardium occidentale* L.; microbial community; DNA sequencing; soil quality; soil enzymology.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 – Genótipos de cajueiros estudados. (a) Cajueiro-anão CCP 76, em cultivo de sequeiro, em Serra do Mel, RN. A altura da planta foi estimada em 2,6 m e o diâmetro de copa em 3,6 m. (b) Cajueiro-comum, em cultivo de sequeiro, em Beberibe, CE. A altura da planta foi estimada em 9,6 m e o diâmetro de copa de 15,5 m..... 43
- Figura 2 – Árvore filogenética universal mostrando relações entre as principais linhagens dos três domínios dos seres vivos (*Bacteria*, *Archaea* e *Eukarya*)..... 45
- Figura 3 – Esquema de sequenciamento de DNA pela plataforma Illumina..... 51
- Figura 4 – Localização dos quatro municípios onde foram coletadas as amostras de solo cultivado com cajueiros para as análises físicas, químicas, biológicas, bioquímicas e de sequenciamento de DNA. Detalhe para os cajueiros (comum e anão CCP 76) de cada uma dessas regiões..... 65
- Figura 5 – Esquema de delineamento da coleta das amostras: (a) diâmetro da copa da planta de cajueiro; (b) Pontos (marcados em vermelho) de coleta das dez subamostras de solo na região compreendida como o perímetro delimitada por aproximadamente metade do diâmetro da sombra da copa do cajueiro..... 67
- Figura 6 – Esquema metodológico da análise do carbono da biomassa microbiana do solo pelo método fumigação-extração..... 78
- Figura 7 – Esquema metodológico da análise de respirometria basal do solo..... 80
- Figura 8 – Esquema metodológico das análises das atividades enzimáticas β -glicosidase (BGL), arilsulfatase (ARS) e fosfatases ácida (FAC) e alcalina (FAL) do solo. (a) procedimento adotado para as amostras de solo e (b) para as amostras controle..... 83
- Figura 9 – Esquema metodológico da extração do DNA do solo..... 86
- Figura 10 – ANOVA das variáveis físicas e químicas do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais

	do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).....	93
Figura 11	– ANOVA das variáveis físicas e químicas de solo cultivado com cajueiros em função dos genótipos (CCP 76 e comum) (a) e das estações (chuvosa e seca) (b). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).....	95
Figura 12	– Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS). (a) C-BMS em função dos locais (Pio IX, Pacajus, Serra do Mel e Beberibe) e dos genótipos (CCP 76 e comum). (b) C-BMS em função dos genótipos e das estações (seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada tratamento (local, em (a) ou estação, em (b)) e letras maiúsculas compararam os tratamentos (local, em (a) ou estação, em (b)) dentro de cada genótipo.....	96
Figura 13	– Quociente metabólico (qCO_2). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). (a) qCO_2 em função dos locais (Pio IX, Serra do Mel, Pacajus e Beberibe) e dos genótipos (CCP 76 e comum). Letras minúsculas comparam os genótipos dentro de cada local e letras maiúsculas comparam o local dentro de cada genótipo. (b) qCO_2 em função dos locais e das estações (seca e chuvosa). Letras minúsculas comparam os locais dentro de cada estação e letras maiúsculas comparam a estação dentro de cada local.....	97
Figura 14	– Respiração basal do solo (RBS) em função dos genótipos (CCP 76 e comum) e da estação (seca e chuvosa), conforme locais. (a) em Pio IX, (b) em Serra do Mel, (c) em Pacajus e (d) em Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo.....	98

- Figura 15 – Quociente microbiano (qMic) em função dos genótipos (CCP 76 e comum) e da estação (seca e chuvosa), conforme locais: Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo..... 99
- Figura 16 – Curvas de rarefação mostrando a profundidade de sequenciamento de solo com base no tamanho das amostras em função do número de ASV das 43 amostras sequenciadas do Estudo 1. A linha vertical indica a interpolação com base no menor tamanho de amostras (11.187)..... 101
- Figura 17 – Diversidade alfa do microbioma associado ao solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). A faixa interquartil é representada pelos limites externos das caixas, a mediana é representada pela linha média e os valores amostrados são representados pelos círculos. As terminações das linhas verticais representam os valores mínimos e máximos..... 102
- Figura 18 – Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Gráfico de dispersão dos dois primeiros componentes principais da análise de diversidade beta microbiana do solo, para abundância em nível de ASV, com base na distância euclidiana e análise Permanova entre os locais de coleta; (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis com teste de Wilcoxon entre os locais..... 104
- Figura 19 – Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Dendrograma de matriz de

	similaridade euclidiana, destacando os estados respectivos aos locais de coleta. (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis para diferentes locais com teste de Wilcoxon entre genótipos.....	106
Figura 20	– Diagrama de Venn indicando a distribuição de ASV em amostras de solos de diferentes locais (Beberibe, Pacajus, Pio IX e Serra do Mel) (a) e entre amostras de solos associados aos genótipos (CCP 76 e comum) e estação (seca e chuvosa) dentro de cada local (b).....	107
Figura 21	– Abundância relativa ao nível filo para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).....	110
Figura 22	– Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível filo de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).....	112
Figura 23	– Abundância relativa ao nível classe para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).....	113
Figura 24	– Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível classe de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).....	114
Figura 25	– Abundância relativa ao nível família para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).....	115
Figura 26	– Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível família de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).....	116

- Figura 27 – Abundância relativa ao nível gênero para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa)..... 117
- Figura 28 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível gênero de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76)..... 118
- Figura 29 – Cladograma baseado em LEfSe de identificação de grupos taxonômicos microbianos de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).em função das regiões de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). Círculos concêntricos irradiando de dentro para fora representam níveis taxonômicos do reino para nível de gênero. Cada círculo fechado menor, nos diferentes níveis taxonômicos representa uma unidade taxonômica e o diâmetro do círculo é proporcional à abundância relativa da taxa..... 120
- Figura 30 – Pontuações LDA de grupos microbianos biomarcadores provenientes de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) e coletadas em 4 regiões (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). As pontuações de LDA são mostradas como barras horizontais para os micro-organismos biomarcadores com uma pontuação de LDA > 4..... 121
- Figura 31 – Escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) de comunidades microbianas de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As elipses com preenchimento e as cores representam o agrupamento com base nos locais. As elipses tracejadas indicam as amostras de solo relacionadas aos genótipos CCP 76 e comum de Serra do Mel. Os autovetores e rótulos azuis indicam

	variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos NMDS.....	122
Figura 32	– Relações correlacionais dos filotipos 5% mais abundantes em função das variáveis físicas, químicas, biológicas e bioquímicas das amostras de solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. O asterisco indica a significância do teste <i>random forest</i> (rf) para as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$).....	125
Figura 33	– Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros em função dos genótipos de cajueiros (CCP 76 e comum) aplicada ao local de coleta (a) Pio IX e (b) Beberibe. As elipses e as cores representam o agrupamento com base nos genótipos. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.....	127
Figura 34	– Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros em função dos genótipos de cajueiros (CCP 76 e comum) aplicada ao local de coleta (a) Pacajus e (b) Serra do Mel. As elipses e as cores representam o agrupamento com base nos genótipos. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.....	128
Figura 35	- Análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros das regiões ((a) Pio IX, (b) Beberibe) e em função dos genótipos (CCP 76 e comum).....	130
Figura 36	- Análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros das regiões ((a) Pacajus, (b) Serra do Mel) e em função dos genótipos (CCP 76 e comum).....	131

- Figura 37 – Espécies indicadoras (IndVal), ao nível taxonômico de gênero, relacionado a microbiota de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Mapa indicativo da quantidade de gêneros indicadores (IndVal > 0,3 e $p < 0,05$) isolados e compartilhados entre os locais. (b) Abundância relativa dos gêneros indicadores com abundância maior que 2% e o valor dos respectivos IndVal..... 133
- Figura 38 – Diagrama da ordenação canônica pela análise de redundância (RDA) de comunidades bacterianas do solo adjacente à rizosfera de cajueiros de quatro regiões do nordeste brasileiro (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX) relacionando o potencial enzimático (ARS, BGL, FAC e FAL) com espécies indicadoras a nível taxonômico de filo (a) e gênero (b). As cores representam o agrupamento com base nos locais. Os autovetores e rótulos preto indicam variáveis enzimáticas e os vermelhos as espécies indicadoras que estão significativamente correlacionadas com os eixos da RDA..... 137
- Figura 39 – Análise de variância (ANOVA) das enzimas β -glicosidase (BGL) (a), arilsulfatase (ARS) (b) e fosfatases ácida (FAC) (c) e alcalina (FAL) (d) do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%..... 139
- Figura 40 – Análise de variância (ANOVA) referente a β -glicosidase (BGL) do solo em função do genótipo (CCP 76 e comum), da estação (seca e chuvosa) e das quatro regiões: Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo..... 141

- Figura 41 – Relações correlacionais de predição funcional em função das 43 amostras do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva (rosa) ou negativa (amarela), bem como a intensidade dessa correlação, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *randon forest* (rf) (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$)..... 142
- Figura 42 –Análises LEfSe com os escores LDA identificando as funções preditas que mais estão relacionadas com a microbiota do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa)..... 144
- Figura 43 – Relações correlacionais de predição funcional em função das variáveis (a) químicas (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicas (Ds, u, θ e θ_{CC}) e (b) biológicas e bioquímicas (C-BMS, RBS, ARS, BGL, FAL e FAC) associadas ao solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva (rosa) ou negativa (amarela), bem como a intensidade dessas correlações, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *randon forest* (rf) indicando as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$)..... 145
- Figura 44 – Análise de variância (ANOVA) referente a arilsulfatase (ARS) do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d)) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam

- os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo..... 146
- Figura 45 – Análise de variância (ANOVA) referente a fosfatase ácida (FAC) presente no solo cultivado com cajueiros. (a) Relação entre genótipos (CCP 76 e comum) e regiões (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX), onde letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada região e letras maiúsculas compararam as regiões dentro de cada genótipo. (b) Relação entre regiões e estação (seca e chuvosa), onde letras minúsculas compararam as regiões dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada região. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%..... 148
- Figura 46 – Análise de variância (ANOVA) referente a fosfatase alcalina (FAL) presente no solo cultivado com cajueiros em função do genótipo (CCP 76 e comum), da estação (seca e chuvosa) e das quatro regiões: Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo..... 149
- Figura 47 – ANOVA das variáveis físicas e químicas do solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função dos quatro locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)..... 151
- Figura 48 – ANOVA das variáveis físicas e químicas de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função do manejo (com e sem manejo) (a) e das estações (chuvosa e seca) (b). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)..... 152
- Figura 49 – Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS) em função do manejo (com e sem manejo) e das estações (chuvosa e seca) para as quatro regiões: (a) Pio IX, (b) Serra do Mel, (c) Pacajus e (d) Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de

- cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada manejo..... 153
- Figura 50 – Quociente metabólico (qCO₂) do solo em função do manejo (com e sem manejo) e das estações (chuvosa e seca) para as quatro regiões: (a) Pio IX, (b) Serra do Mel, (c) Pacajus e (d) Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada manejo..... 154
- Figura 51 – Quociente microbiano (qMic) do solo em função do manejo (com e sem manejo) e das estações (chuvosa e seca) para as quatro regiões: (a) Pio IX, (b) Serra do Mel, (c) Pacajus e (d) Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada manejo..... 155
- Figura 52 – Respiração basal do solo (RBS) em função do manejo (com ou sem manejo) e (a) das regiões (Pio IX, Serra do Mel, Pacajus e Beberibe) e (b) da estação (seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Em (a) letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada local e letras maiúsculas compararam os locais dentro de cada condição de manejo. Já em (b) letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada condição de manejo.... 156
- Figura 53 – Curvas de rarefação indicando a profundidade de sequenciamento das amostras de solo com base no tamanho das amostras em função do número de ASV das 45 amostras de solo sequenciadas do Estudo 2. A linha vertical indica a interpolação com base no menor tamanho de amostras (11.187)... 157
- Figura 54 – Diversidade alfa do microbioma associado ao solo cultivado com cajueiros CCP 76 em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). A faixa interquartil é representada pelos limites externos das caixas, a mediana é representada pela linha média e os valores

	amostrados são representados pelos círculos. As terminações das linhas verticais representam os valores mínimos e máximos.....	158
Figura 55	– Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros CCP 76, provenientes de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí), coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) e sob duas condições de manejo (com e sem manejo). (a) Gráfico de dispersão dos dois primeiros componentes principais da análise de diversidade beta microbiana do solo, para abundância em nível de ASV, com base na distância euclidiana e análise Permanova entre os locais de coleta; (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis com teste de Wilcoxon entre os locais.....	159
Figura 56	– Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76, provenientes de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí), coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) e sob duas condições de manejo (com e sem manejo). (a) Dendrograma de matriz de similaridade euclidiana, destacando os estados respectivos aos locais de coleta. (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis para diferentes locais com teste de Wilcoxon entre genótipos e entre estações.....	161
Figura 57	– Diagrama de Venn mostrando a distribuição de ASV entre os locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Pio IX e Serra do Mel) (a) e entre a condição de manejo (com e sem manejo) e a estação (seca e chuvosa) dentro de cada local (b).....	163
Figura 58	– Abundância relativa ao nível filo para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).....	165

- Figura 59 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível filo de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo)... 166
- Figura 60 – Abundância relativa ao nível classe para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa)..... 167
- Figura 61 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível classe de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo)... 168
- Figura 62 – Abundância relativa ao nível família para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa)..... 169
- Figura 63 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível família de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo)... 170
- Figura 64 – Abundância relativa ao nível gênero para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa)..... 171
- Figura 65 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível gênero de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo)... 171

- Figura 66 – Cladograma baseado em LEfSe de identificação de grupos taxonômicos microbianos de amostras de solo cultivadas com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) em função das regiões de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). Círculos concêntricos irradiando de dentro para fora representam níveis taxonômicos do reino para nível de gênero. Cada círculo fechado menor, nos diferentes níveis taxonômicos representa uma unidade taxonômica e o diâmetro do círculo é proporcional à abundância relativa da taxa..... 174
- Figura 67 –Pontuações LDA de grupos microbianos biomarcadores provenientes de amostras de solo cultivadas com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) em função das regiões de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). As pontuações de LDA são mostradas como barras horizontais para os micro-organismos biomarcadores com uma pontuação de LDA > 4..... 175
- Figura 68 – Escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) de comunidades microbianas amostras de solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As elipses com preenchimento e as cores representam o agrupamento com base nos locais. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos NMDS..... 176
- Figura 69 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função dos períodos de coleta (estações seca e chuvosa). As elipses e as cores representam o agrupamento com base nos genótipos. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA..... 178
- Figura 70 - Análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros das regiões ((a) Pio IX, (b) Beberibe) e em função das estações (seca e chuvosa)..... 179

- Figura 71 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Pacajus e (b) Beberibe. As elipses e as cores representam o agrupamento com base na condição de manejo. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA..... 180
- Figura 72 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Serra do Mel e (b) Pio IX. As elipses e as cores representam o agrupamento com base na condição de manejo. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA..... 181
- Figura 73 – Análise LEfSe aplicada ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Pacajus e (b) Beberibe..... 182
- Figura 74 – Análise LEfSe aplicada ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Serra do Mel e (b) Pio IX..... 183
- Figura 75 – Espécies indicadoras (IndVal) da microbiota, ao nível de gênero, de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Mapa indicativo da quantidade de gêneros indicadores (IndVal > 0,3 e $p < 0,05$) isolados e compartilhados entre os locais. (b) Abundância relativa dos gêneros indicadores com abundância maior que 2% e o valor dos respectivos IndVal..... 186
- Figura 76 – Relações correlacionais de predição funcional em função das 45 amostras de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações

seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *random forest* (rf) indicando as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$)..... 189

Figura 77 – Relações correlacionais de predição funcional em função das variáveis (a) químicas (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicas (Ds, u, θ e θ_{CC}) e (b) biológicas (C-BMS, RBS, ARS, BGL, FAL e FAC) do microbioma associado a solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletados em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *random forest* (rf) indicando as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$)..... 190

Figura 78 – Pontuações LDA baseadas em análises LEfSe das amostras de solo cultivado com cajueiros CCP 76 com base na predição de funções para cada local de coleta (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX)..... 192

Figura 79 – Relações correlacionais dos filios 5% mais abundantes em função das variáveis (a) químicas (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicas (Ds, u, θ e θ_{CC}), (b) biológicas (C-BMS, RBS, qCO₂ e qMic) e bioquímicas (ARS, BGL, FAL e FAC) do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. O asterisco indica a significância do teste *random forest* (rf) para as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$)..... 193

- Figura 80 – Diagrama da ordenação canônica pela análise de redundância (RDA) de comunidades bacterianas do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa) relacionando o potencial enzimático com espécies indicadoras a nível taxonômico de filo (a) e gênero (b). As cores representam o agrupamento com base nos locais. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis enzimáticas e os vermelhos as espécies indicadoras que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA..... 195
- Figura 81 – Análise de variância (ANOVA) das enzimas β -glicosidase (BGL) (a), arilsulfatase (ARS) (b) e fosfatases ácida (FAC) (c) e alcalina (FAL) (d) do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%..... 197
- Figura 82 – Análise de variância (ANOVA) da fosfatase ácida (FAC) do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada local e letras maiúsculas compararam locais dentro de cada condição de manejo..... 198
- Figura 83 – Análise de variância (ANOVA) referente a β -glicosidase (BGL) do solo em função das condições de manejo (com e sem manejo) e das regiões (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX) (a) e das estações (seca ou chuvosa) (b). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada região e letras maiúsculas compararam as regiões dentro de cada condição de manejo..... 199

Figura 84 – Análise de variância (ANOVA) referente a fosfatase alcalina (FAL) em função das condições de manejo (com e sem manejo) e das estações (seca e chuvosa) do solo cultivado com cajueiros CCP 76 em quatro locais do Nordeste brasileiro (Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d)). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam as condições de manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada condição de manejo..... 200

Figura 85 – Análise de variância (ANOVA) referente a arilsulfatase (ARS) em função das condições de manejo (com e sem manejo) e das estações (seca e chuvosa) do solo cultivado com cajueiros CCP 76 em quatro locais do Nordeste brasileiro (Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d)). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam as condições de manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada condição de manejo..... 201

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	– Genótipos de cajueiros estudados. (a) Cajueiro-anão CCP 76, em cultivo de sequeiro, em Serra do Mel, RN. A altura da planta foi estimada em 2,6 m e o diâmetro de copa em 3,6 m. (b) Cajueiro-comum, em cultivo de sequeiro, em Beberibe, CE. A altura da planta foi estimada em 9,6 m e o diâmetro de copa de 15,5 m.....	44
Tabela 2	– Tabulação referente as 24 condições de coleta das amostras de solo desta pesquisa.....	66
Tabela 3	– Esquema de sequenciamento de DNA pela plataforma Illumina.....	71

LISTA DE ABREVIATURA E SIGLAS

ACC	Amêndoa da castanha de caju
AIMs	Micro-organismos de importância agrícola
ARS	Arilsulfatase
ASV	Sequências biológicas únicas ou variantes de sequência de amplicon,
BAC	Cromossomo artificial de bactéria
Be76C	Região Beberibe, genótipo CCP 76, estação chuvosa
BeCMC	Região Beberibe, com manejo, estação chuvosa
BeCMS	Região Beberibe, com manejo, estação seca
BeCoC	Região Beberibe, genótipo comum, estação chuvosa
BeCoS	Região Beberibe, genótipo comum, estação seca
BeSMC	Região Beberibe, sem manejo, estação chuvosa
BGL	β -glicosidase
C-BMS	Carbono da biomassa microbiana
CCP	Clone de cajueiro de Pacajus
CNPAT	Embrapa Agroindústria Tropical
CP	Curva de calibração
ddNTPs	Didesoxinucleotídeos
DNA	Ácido desoxirribonucleico
Embrapa	Embrapa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
FAC	Fosfatase ácida
FAL	Fosfatase alcalina
FAO	Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura
GPS	Sistema de Posicionamento Global
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
ICP	Espectrofotometria de emissão ótica em plasma induzido
IFCE	Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará
IndVal	Índice de espécies indicadoras
LCC	Líquido da castanha de caju
LDA	Análise linear discriminante
LEfSe	Análise linear discriminante do tamanho do efeito
NGS	Sequenciamento de nova geração

NMDS	Escalonamento multidimensional não-métrico
OTU	Unidade taxonômica operacional
Pa76C	Região Pacajus, genótipo CCP 76, estação seca
Pa76S	Região Pacajus, genótipo CCP 76, estação chuvosa
PaCMC	Região Pacajus, com manejo, estação chuvosa
PaCMS	Região Pacajus, com manejo, estação seca
PaCoC	Região Pacajus, genótipo comum, estação chuvosa
PaCoS	Região Pacajus, genótipo comum, estação seca
PaSMC	Região Pacajus, sem manejo, estação chuvosa
PaSMS	Região Pacajus, sem manejo, estação seca
pb	Pares de base
PCA	Análise de componentes principais
PCoA	Análise de coordenadas principais
PCR	Reação em cadeia da polimerase
PFCM	Perfil fisiológico de comunidades microbianas
Pi76C	Região Piauí, genótipo CCP 76, estação chuvosa
Pi76S	Região Piauí, genótipo CCP 76, estação seca
PiCMC	Região Piauí, com manejo, estação chuvosa
PiCMS	Região Piauí, com manejo, estação seca
PiCoC	Região Piauí, genótipo comum, estação chuvosa
PiCoS	Região Piauí, genótipo comum, estação seca
PiSMC	Região Piauí, sem manejo, estação chuvosa
PiSMS	Região Piauí, sem manejo, estação seca
PNF	p-nitrofenol
PNG	p-nitrofenil- β -D-glicosídeo
P-NPP	p-nitrofenil fosfato dissódico
PNS	p-nitrofenil sulfato de potássio
ppm	Partes por milhão
qCO ₂	Quociente metabólico
qMic	Quociente microbiano
RBS	Respiração basal do solo
RDA	Análise de redundância
rDNA	DNA ribossômico

rpm	Rotação por minuto
SeCMC	Região Serra do Mel, com manejo, estação chuvosa
SeCMS	Região Serra do Mel, com manejo, estação seca
SeSMC	Região Serra do Mel, sem manejo, estação chuvosa
SeSMS	Região Serra do Mel, sem manejo, estação seca
TFSA	Terra fina seca ao ar
TFSE	Terra fina seca em estufa a 105 °C

LISTA DE SÍMBOLOS

θ_{cc}	Capacidade de campo
$^{\circ}\text{C}$	Grau Celsius
R^2	Coefficiente de determinação
β	Beta
$\text{\textcircled{R}}$	Marca registrada
λ	Comprimento de onda
Σ	Somatória
%	Porcentagem

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	37
1.1	Hipótese	38
1.2	Objetivos	38
<i>1.2.1</i>	<i>Objetivo geral</i>	39
<i>1.2.2</i>	<i>Objetivos específicos</i>	39
2	REVISÃO DE LITERATURA	40
2.1	Cajueiro	40
<i>2.1.1</i>	<i>Importância econômica</i>	40
<i>2.1.2</i>	<i>Genótipos</i>	42
2.2	Micro-organismos do solo	44
<i>2.2.1</i>	<i>Métodos de estudo da diversidade microbiana nos solos</i>	46
<i>2.2.1.1</i>	<i>Métodos dependentes de cultivo</i>	47
<i>2.2.1.2</i>	<i>Métodos independentes de cultivo</i>	47
2.3	Sequenciamento de DNA	48
<i>2.3.1</i>	<i>Plataforma Illumina</i>	49
<i>2.3.1.1</i>	<i>Gene 16S rRNA</i>	52
<i>2.3.1.2</i>	<i>Abordagem via OTU e ASV</i>	52
2.4	Saúde do solo	53
<i>2.4.1</i>	<i>Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS)</i>	54
<i>2.4.2</i>	<i>Respiração basal do solo (RBS)</i>	55
<i>2.4.3</i>	<i>Quociente microbiano (qMic)</i>	55
<i>2.4.4</i>	<i>Quociente metabólico do solo (qCO₂)</i>	56
<i>2.4.5</i>	<i>Atividade enzimática do solo</i>	56
<i>2.4.5.1</i>	<i>Arilsulfatase (ARS) (EC 3.1.6.1)</i>	57
<i>2.4.5.2</i>	<i>β-glicosidase (BGL)</i>	57
<i>2.4.5.3</i>	<i>Fosfatases</i>	58
<i>2.4.6</i>	<i>Bioinformática aplicada a dados ecológicos</i>	59
<i>2.4.6.1</i>	<i>Curvas de rarefação</i>	59
<i>2.4.6.2</i>	<i>Diversidade alfa, Beta e Gama</i>	60
<i>2.4.6.3</i>	<i>Espécie indicadora</i>	62
<i>2.4.6.4</i>	<i>Diversidade funcional</i>	62

3	MATERIAL E MÉTODOS	64
3.1	Amostragem	64
3.2	Áreas de estudo	68
3.2.1	<i>Principais características das regiões de coleta das amostras</i>	68
3.2.1.1	<i>Município de Beberibe</i>	68
3.2.1.2	<i>Município de Pacajus</i>	69
3.2.1.3	<i>Município de Pio IX</i>	69
3.2.1.4	<i>Município de Serra do Mel</i>	70
3.3	Análises físicas e químicas	71
3.3.1	<i>Análises físicas</i>	71
3.3.1.1	<i>Densidade do solo</i>	71
3.3.1.2	<i>Umidade gravimétrica do solo (u)</i>	72
3.3.1.3	<i>Umidade volumétrica do solo (θ)</i>	72
3.3.1.4	<i>Capacidade de campo (θ_{cc})</i>	73
3.3.2	<i>Análises químicas</i>	73
3.3.2.1	<i>Potencial hidrogeniônico do solo (pH)</i>	73
3.3.2.2	<i>Teores de cálcio (Ca), magnésio (Mg) e alumínio (Al)</i>	73
3.3.2.3	<i>Teores de potássio (K) e sódio (Na)</i>	74
3.3.2.4	<i>Teor de fósforo (P)</i>	74
3.3.2.5	<i>Carbono orgânico total (COT)</i>	75
3.3.2.6	<i>Teores de zinco (Zn), ferro (Fe), cobre (Cu) e manganês (Mn)</i>	76
3.3.2.7	<i>Soma de bases trocáveis (SB)</i>	76
3.3.2.8	<i>Capacidade de troca catiônica efetiva ($CTC_{efetiva}$)</i>	76
3.3.2.9	<i>Saturação por alumínio (m)</i>	77
3.4	Análises biológicas e bioquímicas de saúde do solo	77
3.4.1	<i>Carbono da biomassa microbiana do solo ($C-BMS$)</i>	77
3.4.2	<i>Respiração basal do solo (RBS)</i>	79
3.4.3	<i>Quociente microbiano (q_{Mic})</i>	81
3.4.4	<i>Quociente metabólico do solo (q_{CO_2})</i>	81
3.4.5	<i>Atividades enzimáticas do solo</i>	81
3.4.5.1	<i>Curvas de calibração (CP)</i>	84
3.4.5.2	<i>Quantificação da atividade enzimática</i>	84
3.5	Extração e sequenciamento do DNA	85

3.6	Análises estatísticas e de bioinformática	87
3.6.1	<i>Análises de variância (ANOVA)</i>	87
3.6.2	<i>Bioinformática para a qualidade das amostras sequenciadas</i>	88
3.6.3	<i>Bioinformática e estatística aplicadas à rarefação das amostras e à análises de diversidades alfa e beta</i>	89
3.6.4	<i>Bioinformática e estatística aplicadas à composição taxonômica da comunidade microbiana</i>	89
3.6.5	<i>Bioinformática e estatística aplicadas às mudanças na estrutura da comunidade microbiana do solo</i>	90
3.6.6	<i>Análise de espécies indicadoras</i>	90
3.6.7	<i>Bioinformática e estatística aplicadas ao potencial funcional metabólico do solo</i>	91
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	92
4.1	Estudo 1 - Influência dos genótipos de cajueiro sob o microbioma do solo	92
4.1.1	<i>Atributos físicos, químicos e biológicos do solo</i>	92
4.1.1.1	<i>Atributos físicos e químicos do solo</i>	92
4.1.1.2	<i>Atributos biológicos do solo</i>	95
4.1.2	<i>Rarefação e análise de diversidade microbiológica do solo</i>	101
4.1.3	<i>Composição taxonômica da comunidade microbiana</i>	107
4.1.4	<i>Mudanças na estrutura da comunidade microbiana do solo</i>	122
4.1.5	<i>Potencial enzimático e metabólico funcional do solo</i>	135
4.2	Estudo 2 - Influência do manejo do solo sob o microbioma do solo cultivado com cajueiros CCP 76	150
4.2.1	<i>Atributos físico, químicos e biológicos do solo</i>	150
4.2.1.1	<i>Atributos físico-químicos do solo</i>	150
4.2.1.2	<i>Atributos biológicos do solo</i>	152
4.2.2	<i>Rarefação e análise de diversidade microbiológica do solo</i>	156
4.2.3	<i>Composição taxonômica da comunidade microbiana</i>	162
4.2.4	<i>Mudanças na estrutura da comunidade microbiana do solo</i>	175
4.2.5	<i>Espécies indicadoras</i>	184
4.2.6	<i>Potencial enzimático e metabólico funcional do solo</i>	188
5	CONCLUSÕES	202
	REFERÊNCIAS	203

APÊNDICE A – ANÁLISE INICIAL DA QUALIDADE DAS AMOSTRAS DE SOLO ADJACENTE À RIZOSFERA DE CAJUEIRO SEQUENCIADAS	232
APÊNDICE B – FILTRAGEM DAS AMOSTRAS DE SEQUENCIAMENTO DAS LEITURAS FORWARD E REVERSE	240
APÊNDICE C – ERROS DE ALINHAMENTO DOS PARES DE BASE	246
APÊNDICE D – MATRIZ ASV (TABELA DE BIOMA)	248
APÊNDICE E – RELATÓRIO DO TOTAL DE SEQUÊNCIAS DO GENE 16S RRNA EM CADA ETAPA DO PROCESSO DE TRATAMENTO DOS DADOS SEQUENCIADOS	249
APÊNDICE F – AJUSTE DOS DADOS DAS VÁRIÁVEIS FÍSICAS, QUÍMICAS, BIOLÓGICAS E BIOQUÍMICAS À ORDENAÇÃO POR MEIO DA ANÁLISE DE COORDENADAS PRINCIPAIS	251
APÊNDICE G – ESPÉCIES INDICADORAS	253
APÊNDICE H – GEORREFERENCIAMENTO DAS AMOSTRAS DE SOLO	262
APÊNDICE I – PLUVIOSIDADE NOS LOCAIS DE COLETA DAS AMOSTRAS DE SOLO	266

1 INTRODUÇÃO

O segredo da vida é o solo, porque do solo dependem as plantas, a água, o clima e a nossa vida. Tudo está interligado. Não existe ser humano sadio se o solo não for sadio (Ana Primavesi)

O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) é uma espécie muito versátil em relação ao uso, de forma que atualmente existem mais de 40 produtos com possibilidades industriais, como amêndoa da castanha de caju, sucos, doces, fungicidas, vernizes, entre outros (PAIVA; GARRUTTI; SILVA NETO, 2000).

Os genótipos de cajueiros são agrupados nos tipos anão e comum (SOUZA JÚNIOR *et al.*, 2022). O tipo comum é bem difundido, com árvores bem mais altas, apresentam desenvolvimento tardio e possuem grande variação na copa e nas características morfológicas da castanha e do pendúnculo. Já o tipo anão é considerado precoce, são árvores menores e com maior homogeneidade da copa, do fruto e do pendúnculo (ADU-GYAMFI *et al.*, 2020).

Embora essa cultura apresente grande importância social e econômica, sobretudo para regiões semiáridas do Nordeste brasileiro, onde gera trabalho e renda, mesmo durante os períodos mais secos do ano (SOUSA *et al.*, 2021; ARAÚJO *et al.*, 2018; ALCÂNTARA *et al.*, 2012). Uma série de fatores contribuem para o enfraquecimento da cadeia produtiva da cajucultura no Brasil, especialmente a existência de cajueiros antigos e de baixa produtividade, o emprego de tratamentos culturais inadequados e o pouco uso de tecnologias adaptadas ao seu manejo (BRAINER; VIDAL, 2018). Tais fatores fizeram com que o Brasil, a partir de 1995, gradativamente perdesse espaço na produção mundial para outros países como Vietnã, Índia, Nigéria e Costa do Marfim (SERRANO; PESSOA, 2016).

Entretanto, há uma expectativa de retomada da produção, em virtude principalmente da utilização de tecnologias como irrigação e de plantas mais produtivas, como os clones de cajueiro anão (BRAINER, 2022). Entre os fatores tecnológicos que podem melhorar sua produtividade, destacam-se o conhecimento e o uso da microbiota do solo.

A comunidade microbiana edáfica é responsável pela maioria dos processos bioquímicos do solo, sendo fundamental para o funcionamento do sistema solo-planta (LEAL *et al.*, 2021). Ainda assim, a literatura carece de informações acerca dos micro-organismos presentes em solos cultivados com cajueiros. Mas acredita-se, que a densidade e distribuição dos micro-organismos presentes em solo de cajueiros possam apresentar relações com os atributos edáficos, as variações sazonais, a variedade de cajueiro e a ação antrópica.

As informações de diversidade microbiana fornecidas pelas técnicas tradicionais de cultivo em meio seletivo, são pouco refinadas e seletivas a determinados ambientes e grupos de micro-organismos cultiváveis (QUINTAES *et al.*, 2014). Diante desta problemática, foram desenvolvidas técnicas alternativas às tradicionais. Dentre estas, as baseadas nos ácidos nucleicos (técnicas moleculares) e as com base nos ácidos graxos e na utilização de fontes de carbono (técnicas bioquímicas).

Estudos já realizados indicam que os micro-organismos podem auxiliar na produção agrícola de diversas formas. Em relação ao aumento da fertilidade, estudos indicam o efeito benéfico dos micro-organismos em diversas culturas, como o uso de bioinoculantes compostos por bactérias promotoras de crescimento vegetal (MORTINHO *et al.*, 2022; SHET; GARG, 2022; SEDRI *et al.*, 2022). Outra forma benéfica do uso dos micro-organismos na produção agrícola pode ser citada na mitigação dos estresses abióticos tais como térmico, deficiência hídrica, inundação, salinidade e presença de metais pesados (PORTO *et al.*, 2022; LANNA *et al.*, 2021).

Para atender as questões formuladas no âmbito da atividade microbiana do solo associada a cajueiros em quatro locais do Brasil, esta pesquisa foi definida e composta por dois estudos. Primeiramente, buscou compreender como os genótipos de cajueiro, comum e anão CCP 76, afetam a diversidade e abundância de grupos taxonômicos microbianos presentes no solo cultivado com cajueiros. Posteriormente, procurou-se compreender a influência da variável manejo do solo sobre a comunidade microbiana do solo associada ao cajueiro anão CCP 76.

1.1 Hipótese

O Estudo 1 fundamentou-se na hipótese de que genótipos de cajueiro do tipo comum e do tipo anão cultivar CCP 76, podem influenciar a saúde do solo, bem como a estrutura microbiana presente, considerando ainda as relações edáficas e sazonais. Por sua vez, o Estudo 2 fundamentou-se na hipótese de que as comunidades microbianas do solo cultivado com cajueiro anão respondem ao manejo do solo.

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo geral

O objetivo geral desta pesquisa, foi avaliar o efeito dos genótipos de cajueiros comum e anão CCP 76, bem como do manejo do solo, sobre a estrutura microbiana do solo de quatro áreas produtoras de caju no Brasil, considerando ainda a influência das relações edáficas e sazonais sobre tal comunidade bacteriana.

1.2.2 Objetivos específicos

Determinar, por meio do sequenciamento do gene 16S rRNA, a influência do genótipo, do manejo, de aspectos da saúde do solo e da sazonalidade de diferentes áreas de plantio de cajueiros na região Nordeste brasileira sobre a riqueza, a diversidade e a abundância da comunidade microbiana do solo.

Identificar se aspectos da saúde do solo cultivado com cajueiros são influenciados pelo genótipo, pelo manejo e pela sazonalidade em diferentes áreas de plantio do Nordeste brasileiro.

Estabelecer correlação entre predições funcionais e o microbioma associado solo cultivado com cajueiros.

2 REVISÃO DE LITERATURA

“Nada na vida deve ser temido, somente compreendido. Agora é hora de compreender mais para temer menos” (Marie Curie)

2.1 Cajueiro

2.1.1 Importância econômica

O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), pertencente à família Anacardiaceae (RAMTEKE, 2022), é uma planta nativa do nordeste brasileiro (LIMA *et al.*, 2017), mas com considerável produção comercial na Ásia e na África (FAOSTAT, 2022; REGE; LEE, 2023). Ocupa lugar de destaque entre as plantas frutíferas tropicais (ADRIANO *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2019), com grande importância econômica e social (SAJEEV; SAROJ, 2015), sendo cultivada em mais de 30 países (MANGALASSERY *et al.*, 2019), principalmente em regiões semiáridas, em virtude da boa adaptação que alguns genótipos têm às condições de solos de baixa fertilidade (CAVALCANTE JUNIOR *et al.*, 2019) e à deficiência hídrica (AMORIM *et al.*, 2011).

Entretanto, mesmo adaptado às condições de deficiência hídrica, para uma maior produção o cajueiro requer precipitação anual de 500-4000 mm (EVANS; MARIWAH; ANTWI, 2014). Tais necessidades dependem ainda das condições do solo, como a capacidade de retenção de água, drenagem, profundidade e teores de alumínio trocável e de sais solúveis, o que faz com que alguns tipos de solos sejam mais favoráveis para seu cultivo, aqui com destaque para solos mais intemperizados, como os latossolos (NGATUNGA *et al.*, 2001).

O cajueiro é uma das mais importantes espécies cultivadas das regiões tropicais, tendo como principais produtos de expressão econômica a amêndoa comestível e o líquido da casca da castanha (LCC), embora existam muitos subprodutos comerciais, dos quais se destacam o suco concentrado, doces, refrigerante e cajuína (OLIVEIRA, 2008). A amêndoa da castanha de caju (ACC) ocupa a segunda posição de importância econômica mundial entre as amêndoas comestíveis (SAVADI *et al.*, 2022) e o Brasil é o principal produtor da América do Sul (JEYAVISHNU *et al.*, 2021). Já o LCC, por exemplo, serve de base para diversos produtos

como fungicidas (GARCIA *et al.*, 2018), inseticidas (MAHAPATRO, 2011), esmaltes, resinas, tintas, vernizes (SINDHU; POTTY, 2015), entre outros.

Contudo, até 2020, apenas 09 países, os quais incluem Índia, Brasil, Burundi, Indonésia, Guiné-Bissau, Benin, Vietnã, Costa do Marfim e Tanzânia, foram responsáveis por quase 90% da área produtiva e mais de 70% da produção mundial de castanha de caju, superando 4,1 milhões de toneladas de castanha de caju em 2020 (FAOSTAT, 2020).

A área mundial de produção de caju corresponde a 7,1 milhões de hectares (BRAINER, 2022). No Brasil cerca de 426 mil ha são cultivados com cajueiros, o que faz deste país a 6ª maior área produtiva do mundo, a 11ª colocação em produção de castanha de caju (139,9 mil toneladas) e a 1ª colocação em produção de pedúnculos de caju (1,35 milhão de toneladas, 86,3% da produção mundial), tendo 99,7% de sua área produtiva concentrada na região nordeste. Recentemente (2012-2019) passou por uma crise devido à estiagem e pragas que culminou com mais de 43,5% de perda em área produtiva dos pomares de cajueiros (BRAINER, 2022). Atualmente o Brasil vem recuperando sua produção, renovando seus pomares e implantando novas tecnologias, principalmente focadas em cultivares mais produtivas.

Os principais estados brasileiros produtores de caju são Ceará (63,6% da área cultivada no Brasil e 56,7% da produção brasileira de castanha), Piauí (16,9 % da área cultivada no Brasil e 17,1% da produção brasileira de castanha) e Rio Grande do Norte (11,8 % da área cultivada no Brasil e 15,2% da produção brasileira de castanha) (IBGE, 2022). Entretanto, a comunidade científica sugere que o potencial de produção de caju brasileiro seja muito maior, o que vem motivando diversas pesquisas, tanto no desenvolvimento de novas variedades, como de métodos de cultivo e até melhorias tecnológicas de processamento, que visam melhorar a produtividade e as demais características de importância econômica da cultura (OLUBODE *et al.*, 2018).

Dentre os clones comerciais disponíveis no mercado, Lopes *et al.* (2011), analisaram quatro genótipos de cajueiro CCP 76, CCP 09, BRS 189 e BRS 265, provenientes do Campo Experimental da Embrapa Agroindústria Tropical, no município de Pacajus (CE) e observaram que o CCP 76 apresentou melhores características físicas de diâmetro basal, apical e comprimento dos pedúnculos, bem como, massa fresca total dos cajus (massa da castanha + pedúnculo), dos pedúnculos e das castanhas, considerando os autores o mais indicado para o consumo e comercialização *in natura*. Assim, o CCP 76 possibilita uma oportunidade a mais

de mercado no Brasil, o que justifica ser uma das variedades mais produzidas no Brasil (OLIVEIRA, 2008; VIDAL NETO *et al.*, 2013; SERRANO *et al.*, 2015; SERRANO *et al.*, 2018a; SERRANO *et al.*, 2018b).

Vale ressaltar que segundo Brainer (2021) o Brasil é um dos quatro países (além de Mali, Madagascar e Guiana) que tem a prática de produzir o pedúnculo do caju como um produto comercial.

Essa oportunidade de mercado, bem como o avanço no mercado dos produtos da cajucultura já comercializados, é muito importante para o Brasil, em especial para a região nordeste. Segundo Guanzioli *et al.* (2009) dois problemas afetam a produção e produtividade do caju: falta de incentivo financeiro a pequenos produtores e a margem de lucro excessiva das indústrias de amêndoas de castanha de caju (ACC).

Já Figueirêdo Junior (2006) destaca a necessidade de melhor aproveitamento do mercado interno e de pesquisas no setor de produção e processamento da ACC. Xavier *et al.* (2022), por sua vez, mencionam a importância dos produtores cumprirem as recomendações técnicas da produção agrícola, de forma a garantir a continuidade da atividade durante longos períodos.

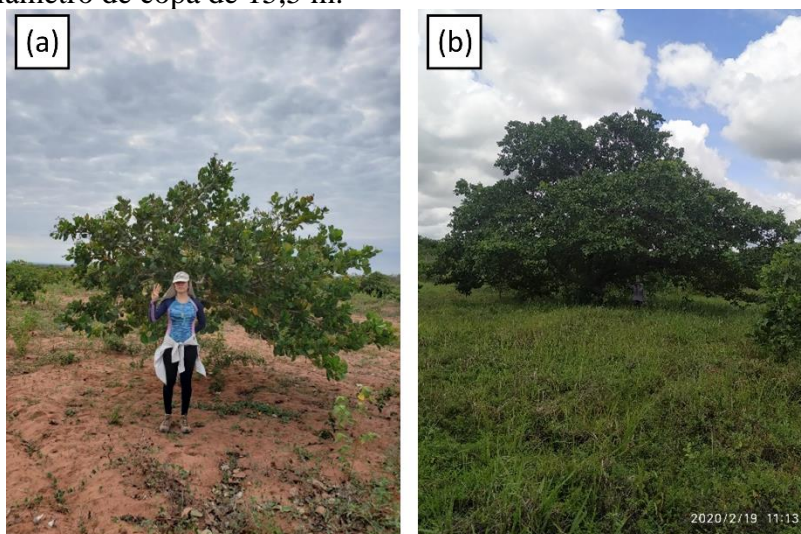
Outra dificuldade da cajucultura no Brasil é a questão tecnológica e pomares antigos. Para se ter uma ideia, segundo Brainer (2022), embora a área cultivada de caju nas Filipinas (29,7 mil ha) seja cerca de 7% da área de cultivo brasileira (426,1 mil ha), têm uma participação na produção mundial maior que o Brasil, graças a sua produtividade 14 vezes maior do que a média mundial. Brainer (2022) relata que isso só é possível devido ao aumento tecnológico, como o uso de sistema de fertirrigação, alto adensamento dos pomares, clones mais produtivos e adaptados às condições ambientais, entre outros.

Outrossim, práticas de manejo da cultura podem aumentar a produtividade em até 40% (ADIGA *et al.*, 2020). Ademais, práticas de manejo do solo podem elevar o rendimento da cultura (AMINU *et al.*, 2021). O que contribui diretamente também para a melhor nutrição dos pomares e desempenho econômico desta cultura (OLUBODE *et al.*, 2018).

2.1.2 Genótipos

Os genótipos de cajueiro têm sido agrupados em dois tipos: anão (Figura 1a) e comum (Figura 1b), principalmente em virtude de suas características morfológicas, fisiológicas, fenológicas e agronômicas (BARROS, 1998).

Figura 1 – Genótipos de cajueiros estudados. (a) Cajueiro-anão CCP 76, em cultivo de sequeiro, em Serra do Mel, RN. A altura da planta foi estimada em 2,6 m e o diâmetro de copa em 3,6 m. (b) Cajueiro-comum, em cultivo de sequeiro, em Beberibe, CE. A altura da planta foi estimada em 9,6 m e o diâmetro de copa de 15,5 m.



Fonte: Autor

Ambas são árvores sempre verdes, contudo as do tipo comum atingem mais que 10 m de altura com uma copa podendo alcançar 20 m de diâmetro. Já as plantas do tipo anão são bem mais baixas, muitas vezes necessitando de podas para que seus galhos não toquem o chão (CARR, 2014).

O tipo comum é bem mais difundido tanto naturalmente como por cultivo, mas apresenta grande variação na distribuição de ramos e nos pesos da castanha e do pedúnculo. Contudo, uma de suas principais características produtivas é seu desenvolvimento tardio, de forma que a frutificação ocorre geralmente no terceiro ano, enquanto o tipo anão normalmente inicia a floração aos seis meses, por isso é também conhecido como cajueiro de seis meses (BARROS *et al.*, 1993). Além disso, em virtude das pesquisas de melhoramento genético, o cajueiro-anão possui maior homogeneidade de distribuição da copa, bem como no tamanho do fruto e pedúnculo, além de maior produtividade (VIDAL NETO *et al.*, 2013).

A Tabela 1 apresenta um resumo das principais características distintas dos cajueiros dos tipos comum e anão.

Tabela 1 – Principais características diferenciais dos tipos de cajueiros comum e anão.

Característica	Genótipo	
	Comum	Anão
Porte (m)	Alto (8 - 15)	Baixo (< 4)
Primeira floração	3 a 5 anos	6 a 18 meses
Diâmetro da copa (m)	10 a 20	5,0 a 6,5
Varição no peso da castanha (g)	3 a 33	3 a 13
Varição no peso do pedúnculo (g)	20 a 500	20 a 160
Período de frutificação (meses/ano)	4	8
Forma de produção das mudas	Semente	Enxertia
Produção (castanha/planta/safra) (kg)	<1 a >180	até 43

Fonte: Compilação de PAIVA *et al.* (2005), BARROS *et al.* (2009) e

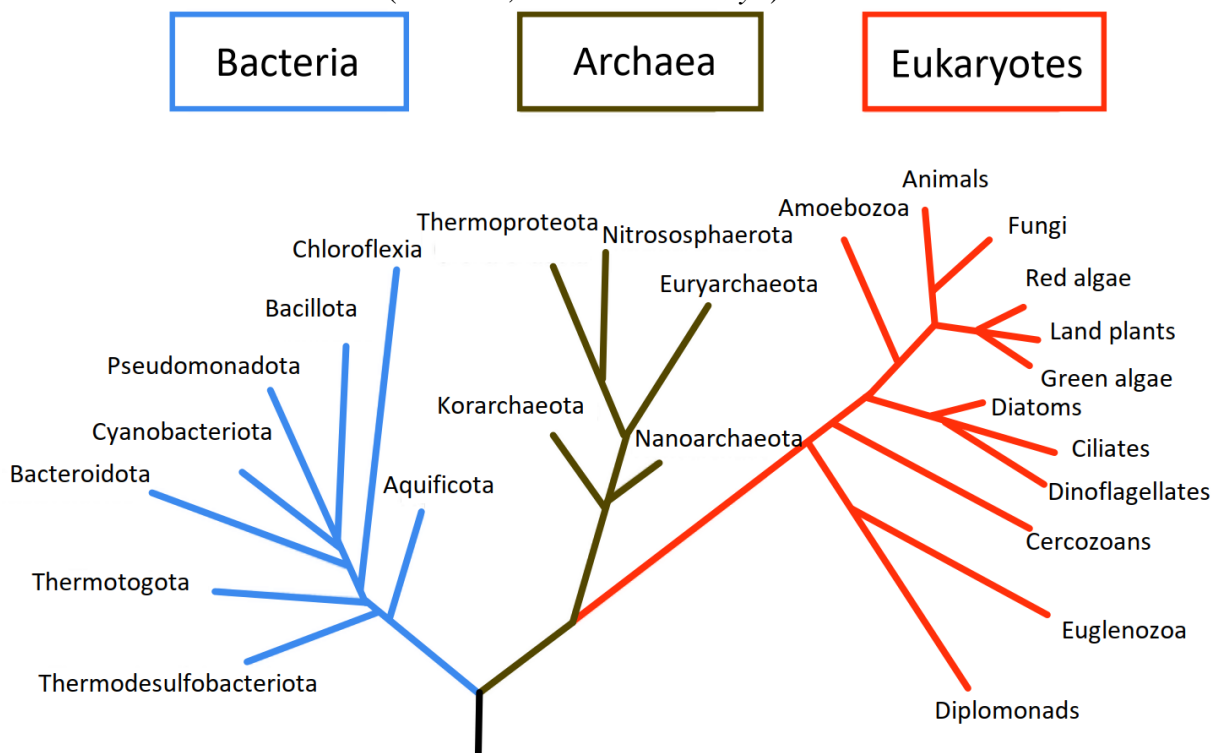
Dentre as cultivares comerciais, principalmente para o consumo do pedúnculo, destaca-se o CCP 76 (LOPES *et al.*, 2011). Tais cultivares são obtidas por algum tipo de propagação vegetativa, geralmente por enxertia, mas também se mostra viável a propagação por mergulhia aérea, alporquia ou por meio da cultura de tecidos (MARTINS; SILVA; CHIAMOLERA, 2018).

Além dos cajueiros do tipo comum e anão, Oliveira (2008) relata ainda existir cultivares híbridas, gerados a partir do cruzamento do cajueiro comum com o cajueiro-anão.

2.2 Micro-organismos do solo

Os seres vivos, até 1990, eram todos agrupados em dois domínios: procariontes e eucariontes. Contudo, em virtude dos avanços na taxonomia molecular, comparando as sequências de RNA ribossômico, Woese, Kandler e Wheelis (1990) sugeriram que, do ponto de vista evolutivo, os procariontes deveriam ainda ser divididos em dois domínios (*Bacteria* e *Archaea*). Desta forma, atualmente, as espécies microbianas estão inseridas nos três domínios (*Bacteria*, *Archaea* e *Eucarya*), tendo os solos representantes de todos eles (LAMBALIS *et al.*, 2005) (Figura 2).

Figura 2 – Árvore filogenética universal mostrando relações entre as principais linhagens dos três domínios dos seres vivos (*Bacteria*, *Archaea* e *Eukarya*).



Fonte: Adaptação de WOESE; KANDLER; WHEELIS (1990)

A microbiota do solo é de grande importância para os processos de decomposição e ciclagem de nutrientes (YADAV *et al.*, 2021), sendo a cultura, o manejo agrícola, os fatores ambientais (SANTOS; OLIVARES, 2021), o tipo de solo e suas variações físicas, químicas e biológicas determinantes da composição das espécies microbianas e/ou suas funções (HE *et al.*, 2022). Contudo, embora o solo seja considerado um depósito de atividade microbiana, a microbiota se concentra em somente uma pequena parcela dele, correspondendo à região da matéria orgânica acumulada e da rizosfera (KUMAR *et al.*, 2022a; MOHANRAM; KUMAR, 2019).

A rizosfera contribui significativamente para a atividade biológica do solo (ELHAISSOUFI *et al.*, 2022), devido à liberação, pelas raízes, de exsudatos, mucilagens, secreções e lisados celulares contendo açúcares, aminoácidos, vitaminas, ácidos orgânicos, entre outros (RAMOS *et al.*, 2018). Atualmente essa região abrange três zonas: endorrizosfera (região interna a raiz, cuja microbiota ocupa a região apoplástica), rizoplano (região da superfície radicular) e ectorrizosfera (região adjacente à raiz e sob influência dos exsudatos desta) (KUMAR, 2023). Dependendo da cultura, a espessura da camada rizosférica se estende

até 80 mm da superfície da raiz (KOO *et al.*, 2005). Com menor influência direta das raízes vegetais tem-se o solo adjacente à rizosfera, denominado *bulk soil* (ZHANG *et al.* 2022). O microbioma dessa importante zona difere da rizosfera em abundância e diversidade, sendo frequentemente relacionada uma maior diversidade microbiana *ao bulk soil* do que à rizosfera (HUANG *et al.*, 2023).

Diferenças entre as comunidades microbianas da rizosfera e do *bulk soil* podem indicar diferentes interações competitivas ou cooperativas entre a comunidade destas regiões, afetando na resposta deste ambiente à distúrbios externos (WU *et al.*, 2022). Embora a comunidade microbiológica do *bulk soil* pode ser afetada pelas culturas (CHAMBERLAIN *et al.*, 2020), Navarro-Noya *et al.* (2022) indicaram que a estrutura da comunidade microbiana do *bulk soil* é mais afetada por práticas agrícolas do que a rizosfera ou o estágio de desenvolvimento da planta.

A maioria dos processos bioquímicos do solo está associada à organização das comunidades microbianas, sendo fundamentais para o funcionamento do sistema solo-planta (LAMBAIS *et al.*, 2005). Contudo, embora seja de grande importância para as culturas, a magnitude da biodiversidade microbiana, bem como seu padrão espacial, é pouco conhecida e/ou documentada (GOI; SOUZA, 2006).

Basicamente duas razões contribuem para a falta de informações sobre a diversidade microbiana do solo (GOI; SOUZA, 2006). A primeira delas é a possível distribuição cosmopolita dos micro-organismos, a qual somente recentemente, com o uso de técnicas moleculares, foi possível evidenciar a existência de populações de micro-organismos isoladas em diferentes tipos de habitats (PAPKE; WARD, 2004). Já a segunda razão é que a maioria dos micro-organismos não pode ser identificada morfológicamente, e, até recentemente, a forma usual de identificação era baseada em cultivo (MOREIRA; SIQUEIRA; BRUSSARD, 2006). Contudo, Curtis, Sloan e Scannel (2002) estimaram, com base na curva de distribuição de abundância de espécies, que em apenas um grama de solo pode haver entre 6.400-38.000 espécies de bactérias. Destas, estima-se que apenas 1% sejam cultiváveis *in vitro* (STALEY; KONOPKA, 1985).

2.2.1 Métodos de estudo da diversidade microbiana nos solos

A forma usual de estudo da diversidade microbiana nos solos até poucos anos atrás era através do cultivo dos micro-organismos em um meio de cultivo. Entretanto, atualmente, existem vários métodos com essa finalidade, que não dependem de cultivo (LAMBAIS *et al.*, 2005).

2.2.1.1 Métodos dependentes de cultivo

Nesta forma de estudo, praticamente dois métodos se destacam: isolamento em meios de cultivo e perfil fisiológico de comunidades microbianas (PFCM). O primeiro deles caracteriza-se por isolar os micro-organismos com o uso de diferentes meios de cultivo com graus de seletividade. Trata-se de um método rápido e econômico, o qual fornece informações sobre os grupos de micro-organismos viáveis e cultiváveis em uma amostra de solo. Em contrapartida, favorece o crescimento de fungos com maiores taxas reprodutivas e de esporulação. Já o PFCM, leva em consideração a análise da capacidade de uma comunidade microbiana em utilizar diferentes fontes de carbono *in vitro*. Contudo, neste caso, há o favorecimento de células bacterianas heterotróficas aeróbias e anaeróbias facultativas de rápido crescimento, a inibição do crescimento de fungos pelo tetrazólio, a sensibilidade à densidade de inóculo e o fato do método refletir a diversidade metabólica potencial e não a real (LAMBAIS *et al.*, 2005).

2.2.1.2 Métodos independentes de cultivo

Como a maioria dos micro-organismos não é cultivável, os métodos supracitados não são capazes de refletir coerentemente a diversidade microbiana *in locu*. Desta forma, diversos métodos independentes de cultivo foram desenvolvidos, entre eles: eletroforese em gel com gradiente desnaturante por reação em cadeia da polimerase (PCR-DGGE), polimorfismo de conformação de fita simples (SSCP), análise de restrição de DNA ribossomal amplificado (ARDRA), polimorfismo do tamanho do fragmento terminal de restrição (T-RFLP), análise da variabilidade do espaço intergênico ribossomal (RISA), análise serial de etiquetas de sequências ribossomais (SARST), perfis de ácidos graxos de fosfolipídios do solo (PLFA), hibridização em microarranjos (GeneChips), análise de ésteres metílicos de ácidos graxos (FAME) e sequenciamento de DNA (LAMBAIS *et al.*, 2005).

2.3 Sequenciamento de DNA

O DNA é um polímero composto de quatro bases nitrogenadas (adenina - A, citosina - C, guanina - G e timina- T) ao longo de uma determinada sequência a qual define o código genético do organismo e que pode ser decifrado usando diversas técnicas genômicas de sequenciamento (ZHAO *et al.*, 2014).

Embora o sequenciamento da insulina, bem como o do RNA tenham se iniciado anteriormente, a primeira das técnicas para sequenciamento de DNA foi descrita por Frederick Sanger e Alan Coulson em 1975 (GIANI *et al.*, 2020). Tal técnica, conhecida como “*plus and minus*” (menos e mais) foi aplicada para o sequenciamento de duas regiões do bacteriófago phi X174 (SANGER; COULSON, 1975).

Em 1977, com base na técnica anterior, foi possível sequenciar o genoma completo do bacteriófago supracitado (SANGER *et al.*, 1977). No mesmo ano, Sanger e Coulson, com o auxílio do bioquímico Steve Nicklen, desenvolveram o método, que ficou conhecido como Sequenciamento Sanger, que tem como pressuposto básico a DNA polimerase e os didesoxinucleotídeos (ddNTPs), a princípio marcados radiotivamente e, posteriormente, por fluorescência (SANGER; NICKLEN; COULSON, 1977). Neste mesmo ano, o físico Walter Gilbert e seu aluno Allan Maxam, publicaram um artigo com um método para o sequenciamento de DNA via clivagem química e marcadores de fósforo radioativo, que ficou conhecido como sequenciamento Maxam-Gilbert (MAXAM; GILBERT, 1977).

Contudo, embora a princípio o método de sequenciamento Maxam-Gilbert tenha se popularizado, com o tempo o método de sequenciamento Sanger prevaleceu, em virtude da sua maior simplicidade, segurança e custo (GIANI *et al.*, 2020).

Desta forma, o sequenciamento Sanger foi sendo aprimorado e prevaleceu até por volta de 2003 (sendo usados ainda hoje para isolados), quando o pirosequenciamento (454) surgiu e iniciou os chamados sequenciamentos de nova geração (*Next Generation Sequencing* - NGS) (KYRIAIDOU *et al.*, 2018).

Os NGS caracterizam-se principalmente por permitirem sequenciar milhões até bilhões de pares de base paralelamente, proporcionando economia de tempo e custo, quando comparado ao método Sanger (CARVALHO; SILVA, 2010). Para exemplificar, o genoma humano passou cerca de 15 anos e custou cerca de 1 milhão de dólares para ser sequenciado

pela plataforma Sanger. Contudo se esse mesmo genoma fosse submetido ao sequenciador 454 seria possível sequenciá-lo em 2 meses e com cerca de um décimo do custo (KULSKI, 2016).

Costuma-se dividir as plataformas de sequenciamento em quatro gerações. De forma que a primeira geração compõe os sequenciamentos de Maxam-Gilbert e de Sanger. As três gerações seguintes, estão inclusas dentro dos sequenciamentos NGS. Os de segunda geração abrangem as plataformas 454-Roche, Illumina Genome Analyser-HiSeq/MiSeq e SOLiD e Ion Torrent. Já os de terceira geração incluem o e PacBio e Heliscope™ Sequencer. Por último, temos o de quarta geração, cujo representante é o Nanopore (SRINIVASAN; BATRA, 2014). De uma forma geral, as plataformas de segunda geração caracterizam-se por fragmentar sequências longas de nucleotídeos e permitir a leitura de sequências menores simultaneamente, por meio de bibliotecas de DNA das sequências amplificadas. Já as de terceira geração, caracterizam-se pela portabilidade e pelo sequenciamento de moléculas únicas sem a necessidade da amplificação por PCR (SALEEM, 2020). Por último, as de quarta geração caracterizam-se pela portabilidade e velocidade de sequenciamento. Contudo os de terceira geração costumam gerar muitos erros e os de quarta geração possuem um custo elevado por Mb sequenciada (SRINIVASAN; BATRA, 2014).

Diante do exposto, as plataformas NGS mais utilizadas atualmente são as de segunda geração, com destaque para a Illumina (LUO *et al.*, 2012). Com a taxa de avanço tecnológico das plataformas de sequenciamento sendo consideravelmente maior do que a própria taxa de avanço dos microchips computacionais, a plataforma Illumina tem sobressaído entre as plataformas de segunda geração, sendo a mais utilizada atualmente (HEATHER; CHAIN, 2016).

2.3.1 Plataforma Illumina

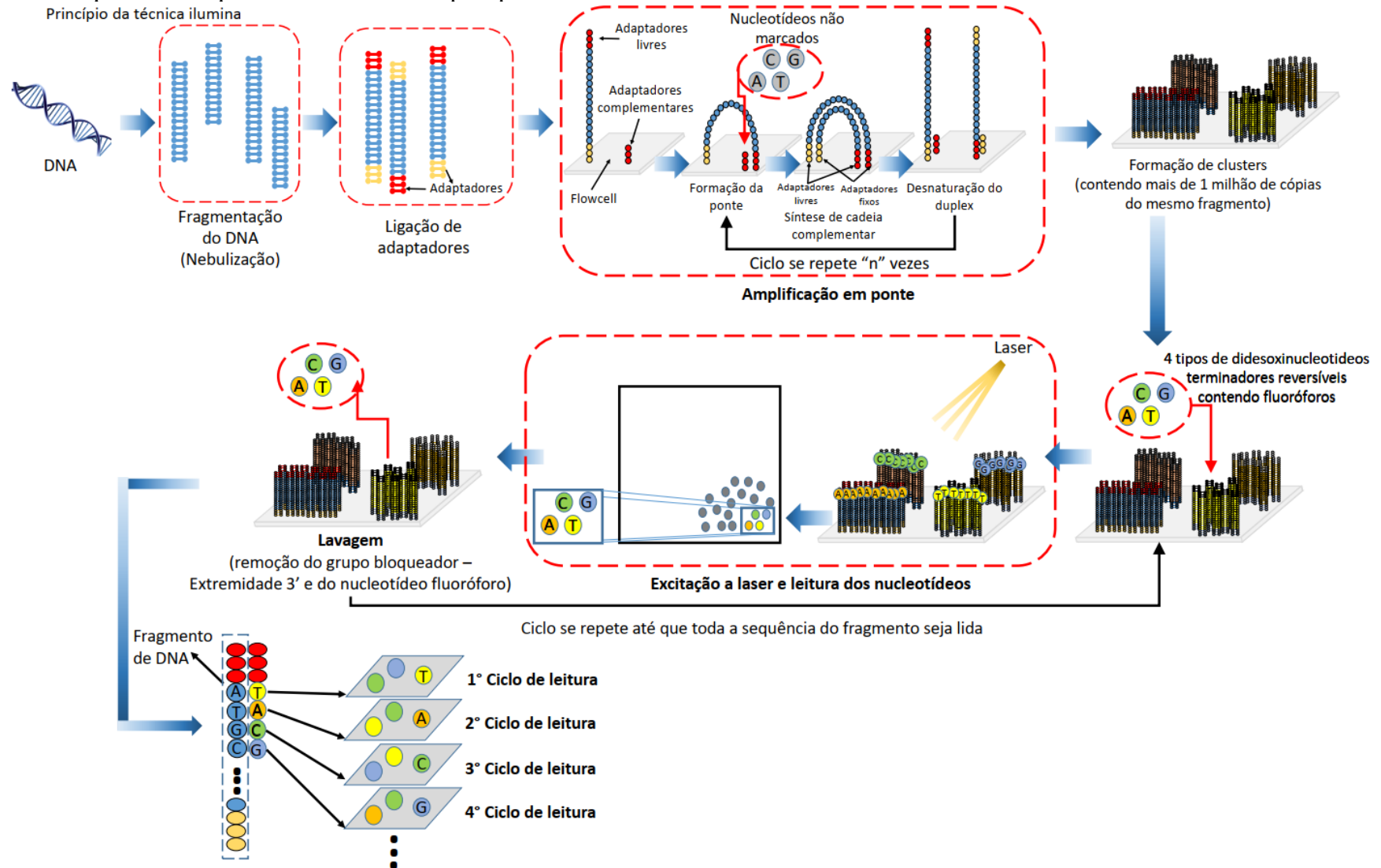
A plataforma Illumina é um sequenciador NGS, que utiliza a química de sequenciamento por síntese (SBS), sendo atualmente a plataforma mais utilizada e responsável por mais de 90% dos sequenciamentos do mundo (KRISHNA, 2019).

O sequenciamento pela plataforma Illumina é semelhante ao Sanger, visto que ambos utilizam da DNA polimerase e marcadores terminais, tendo como principal diferença a possibilidade que a plataforma com a tecnologia NGS tem de processar simultaneamente

diversos fragmentos de DNA, possibilitando gerar informações de milhões de pares de base em uma única corrida (CHEN, 2014).

O princípio da Illumina, conforme descrito por Carvalho e Silva (2010), consiste em fragmentar aleatoriamente a fita de DNA e adicionar adaptadores específicos em ambas as extremidades de todos os fragmentos. Os fragmentos de fita dupla são desnaturados de forma a obter-se fragmentos de fita simples. Tais fragmentos, com os respectivos adaptadores, são ligados a uma placa de vidro, denominada *flow cell*, dotada densamente de oligonucleotídeos complementares aos ligados às extremidades dos fragmentos de DNA. As extremidades livres dos fragmentos de DNA ligados a *flow cell* são curvadas em pontes (dando o nome de amplificação em ponte) e o PCR inicia com a incorporação de nucleotídeos não marcados com a fluorescência, formando novos fragmentos de fita dupla a partir dos de fita simples. Posteriormente a fita dupla formada sofre desnaturação e a ponte é quebrada, mediada pela elevação da temperatura, tendo-se então a duplicação do fragmento inicial. Então o processo é repetido, preenchendo a *flow cell* com *clusters* de fragmentos idênticos aos ligados à *flow cell*. Com as várias cópias do fragmento gerado, são adicionados os quatro tipos de nucleotídeos com terminadores reversíveis contendo fluoróforos junto com a enzima DNA polimerase. Desta forma é realizada a incidência do laser para excitação e a leitura conforme os fluoróforos, que diferem na cor conforme a base de nucleotídeo (A, G, C e T). O processo de incorporação dos nucleotídeos contendo fluoróforos, incidência de laser e registro da imagem se repetem sequencialmente até a leitura de toda a extensão do DNA (Figura 3).

Figura 3 – Esquema de sequenciamento de DNA pela plataforma Illumina.



Dentre outros equipamentos em seu portfólio, a Illumina possui dois que se destacam para sequenciamento de DNA/RNA: o Illumina HiSeq e o Illumina MiSeq. O HiSeq é um equipamento de grande escala, possibilitando produzir mais de 50 Gb por dia (mais de 1 bilhão de leituras em uma corrida de 8 dias). Enquanto o MiSeq é bem menor, recomendado para demandas mais diluídas, gerando cerca de 1,5 Gb em corridas de um dia, o que equivale a aproximadamente 5 milhões de leituras (LIU *et al.*, 2012). Outra característica é que o Illumina MiSeq é bastante versátil e apresenta melhor resultado na etapa de alinhamento do sequenciamento (LIU *et al.*, 2012).

2.3.1.1 Gene 16S rRNA

Diferente do sequenciamento Sanger, o qual possui alta qualidade de sequenciamento, mas utiliza trechos relativamente longos (~ 800 pares de base), deixando o processo mais lento e oneroso, os métodos NGS consistem em análises com comprimentos de leitura menores (no caso do Illumina, até 300 pb) (SANDIN; ROMAC; NOT, 2022; LIU *et al.*, 2016).

Nos estudos de comunidades ecológicas, ganha-se destaque as análises de sequenciamento a partir do gene 16S rRNA, presente em bactérias e arqueias (ATLAS; BARTHA, 1998). O RNA ribossomal 16S possui sequências de nucleotídeos com elevada conservação filogenética, permitindo comparações de filogenia precisas entre organismos (SANTOS *et al.*, 2020). Além disso, flanqueado pelos trechos conservados, que possibilitam a utilização de primers para a amplificação por PCR, o 16S rRNA possui 9 regiões hipervariáveis (V1-V9) de elevada diversidade de sequência entre diferentes espécies bacterianas, possibilitando a identificação e análise taxonômica (JEONG *et al.*, 2021).

Contudo, o NGS pode gerar resultados de sequenciamentos imperfeitos, atribuindo variações incorretas durante a PCR, o que pode ocasionar detecções incorretas de organismos. Para mitigar esses problemas, duas abordagens são comumente utilizadas, por meio de sequências agrupadas (OTU, do inglês Operational Taxonomics Units) ou de sequências únicas (ASV, do inglês Amplicon Sequence Variants) (BHARTI; GRIMM, 2021).

2.3.1.2 Abordagem via OTU e ASV

A OTU consiste em agrupar as sequências com elevadas similaridades. Normalmente o valor atribuído pela literatura é que uma similaridade 97% são agrupadas em uma mesma unidade taxonômica operacional (OTU), inferindo ser de uma mesma espécie (MEYER *et al.*, 2018). Esta abordagem vem sendo utilizada desde 1963 (SKOPINA *et al.*, 2016). A abordagem OTU é simples e requer menos poder computacional (SCHLOSS; WESTCOTT, 2011). Um dos problemas da abordagem via OTU está no fato de ocasionar falsos agrupamentos para espécies de elevada similaridade (JOOS *et al.*, 2020). A ampliação da margem de corte para valores maiores que 97%, ainda assim possibilitam erros de sequenciamento que podem estar relacionados a falsos positivos de novas espécies (MYSARA *et al.*, 2017).

Já a abordagem via ASV vem sendo atualmente mais utilizada nas pesquisas, substituindo gradativamente a abordagem via OTU (CHIARELLO *et al.*, 2022). A análise via sequência exata ou única, caracteriza-se por uma maior necessidade de poder computacional, mas consequentemente com mais acurácia e sensibilidade nas análises. Isso porque o princípio dessa abordagem consiste em um algoritmo que compara cada sequência individualmente, calculando a frequência e a probabilidade de uma sequência biológica apresentar erros de sequenciamento. Assim, as sequências são filtradas para obter somente sequências verdadeiras com valor estatístico confiável (CARUSO *et al.*, 2019). Aliada à sensibilidade e acurácia do sequenciamento, a abordagem via ASV permite maior reprodutibilidade e facilita comparações entre estudos, possibilitando e ampliando o uso de biomarcadores preditores (CHOLET *et al.*, 2021).

2.4 Saúde do solo

O solo é, provavelmente, o principal recurso mantenedor da vida no planeta Terra. Sendo a base produtiva dos sistemas agrícolas e florestais, é também o maior abrigo de biodiversidade do mundo, bem como um grande armazém de água e carbono (MENDES *et al.*, 2018).

A saúde do solo pode ser definida como “a capacidade contínua do solo de funcionar como um ecossistema vivo vital que sustenta plantas, animais e humanos” (SINTIM *et al.*, 2018). Com base neste conceito, destaca-se a palavra “contínua”, pois a partir dela podemos inferir que a saúde do solo vai além de sua capacidade produtiva. Haja vista, que como citado por Mendes *et al.* (2018), um solo de baixa qualidade pode apresentar alta produtividade

agrícola através do uso de insumos. Contudo, a longo prazo esta situação pode ser insustentável, gerando prejuízos ambientais e/ou a saúde humana e animal.

Desta forma, a qualidade ou saúde do solo integra aspectos físicos, químicos e biológicos (LEAL *et al.*, 2021). Contudo, até 2020, quando um agricultor solicitava uma análise laboratorial de solo, o laudo fornecia apenas aspectos químicos e alguns aspectos físicos, havendo uma grande lacuna referente aos aspectos biológicos (MENDES *et al.*, 2021). Entretanto, o componente biológico é o único capaz de permitir a adaptabilidade às mudanças ambientais e, portanto, o principal responsável pela sustentabilidade da saúde do solo (FRAC *et al.*, 2018).

A saúde do solo pode ser analisada por indicadores que exprimem as propriedades químicas, físicas, biológicas e/ou bioquímicas relacionadas à diferentes processos, como ciclagem de nutrientes, potencial de erosão, atividade biológica, entre outros (SILVA *et al.*, 2021). Com relação ao componente biológico, pode-se citar como indicadores o carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS), a respiração basal do solo (RBS), o quociente metabólico (qCO₂), quociente microbiano (qMIC), as atividades enzimáticas do solo, entre outros (ROCHA *et al.*, 2022; MENDES *et al.*, 2009).

2.4.1 Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS)

A biomassa microbiana do solo (BMS) é constituída pela fração viva da matéria orgânica do solo, desconsiderando as frações radiculares e as que compõe animais maiores do que aproximadamente $5 \times 10^3 \mu\text{m}^3$ (DE-POLLI; GUERRA, 1997 apud JENKINSON; LADD, 1981).

Dessa forma, o C-BMS está relacionado à imobilização momentânea do carbono na biomassa microbiana do solo, representando um dos compartimentos da matéria orgânica do solo (MOS) com menor tempo de ciclagem (SOUZA *et al.*, 2021; CARDOSO; ANDREOTE, 2016).

Assim, embora configure apenas uma pequena fração, 2 a 5% da MOS, o C-BMS, cuja unidade é comumente representada por mg de CO₂ kg⁻¹, tem sido adotado como um excelente bioindicador da saúde do solo em função de sua rápida resposta a variações ambientais, como manejo, variações sazonais, cultivo, entre outras (REIS JUNIOR; MENDES, 2007; PEREZ; RAMOS; MCMANUS, 2004).

2.4.2 *Respiração basal do solo (RBS)*

Alef (1995) menciona a definição de respiração basal do solo (RBS) quando não há adição de substratos orgânicos, diferindo, da respiração induzida por substratos, a qual adiciona fontes específicas, tais como glicose e aminoácidos, para induzir a respiração.

Independente do uso ou não de substrato, a respiração microbiana, principalmente de bactérias e fungos, baseia-se em reações redox, com a oxidação química da matéria orgânica, de forma que há o consumo de oxigênio (O_2), acceptor final dos elétrons, e a liberação de dióxido de carbono (CO_2) (SCHMITZ, 2003).

Desta forma, a respiração do solo pode tanto ser mensurada pelo consumo de O_2 , quanto pela liberação do CO_2 pelo solo (DIONÍSIO *et al.*, 2016). Contudo, a liberação de CO_2 torna-se mais sensível, e, portanto, mais utilizada, por dois fatores: i) menor interferência em virtude da concentração de CO_2 na atmosfera ser menor do que a de O_2 (ARAÚJO; MONTEIRO, 2006) e ii) permite inferir a atividade de micro-organismos aeróbicos e anaeróbicos (DIONÍSIO; PIMENTEL; SIGNOR, 2016).

A respiração basal do solo (RBS) é um dos bioindicadores da saúde do solo mais utilizados e um dos mais antigos para quantificação da atividade microbiana (MOURA *et al.*, 2015). Representa a soma das funções metabólicas produtoras de CO_2 em um determinado período de tempo, em outras palavras, baseia-se no fato de que as bactérias e os fungos são os principais responsáveis pela liberação de CO_2 no solo, principalmente decorrentes da degradação da MOS. Comumente este bioindicador expresso por mg de C- CO_2 kg^{-1} dia^{-1} .

A RBS é um bioindicador sensível à condição abiótica do solo (SILVA; AZEVEDO; DE-POLLI, 2007), estando relacionado ao teor de matéria orgânica (SILVA *et al.*, 2021b). Todavia, o teor de matéria orgânica pode variar por diversos fatores como clima, vegetação, profundidade do solo, precipitação, entre outros (TOGNON; DEMATTÊ; DEMATTÊ, 1998).

2.4.3 *Quociente microbiano (qMic)*

O quociente microbiano (qMic) é expresso em termos de porcentagem através da razão entre C-BMS e carbono orgânico total (COT). Desta forma, este quociente permite quantificar a qualidade da matéria orgânica, uma vez que reflete a eficiência dos micro-organismos na decomposição da MOS (SILVA *et al.*, 2010; SPARLING, 1992).

Este quociente reflete a imobilização de carbono orgânico pelos micro-organismos, indicando o potencial de reserva deste elemento (ARAÚJO *et al.*, 2019). Assim, valores elevados do qMic indicam elevada tendência da decomposição da MOS pelos micro-organismos. Em contrapartida, valores baixos de qMic estão relacionados a uma baixa atividade microbiana e a uma perda de carbono no solo (DADALTO *et al.*, 2015).

2.4.4 Quociente metabólico do solo (qCO₂)

O quociente metabólico do solo (qCO₂) é definido como a razão entre a RBS e o C-BMS e expressa a quantidade de CO₂ liberada pelos micro-organismos em um determinado período de tempo, apresentando como unidade usual mg C-CO₂ kg⁻¹ CO₂ dia⁻¹. Tratando-se de uma taxa de respiração específica da biomassa microbiana, este quociente é comumente utilizado como uma forma de estimar a eficiência do uso do solo pelos micro-organismos (DADALTO *et al.*, 2015).

Valores elevados de qCO₂ frequentemente estão relacionados à fatores de estresse ambiental ou à ecossistema mais jovem (SILVA *et al.*, 2010). Podem indicar também alterações de manejo (FIALHO *et al.*, 2006), cultura (OLIVEIRA *et al.*, 2016) ou de condições edáficas (NOVAK *et al.*, 2018).

2.4.5 Atividade enzimática do solo

As enzimas do solo são biomoléculas de grande importância para a transferência de energia, bem como para catálise de diversas reações do solo (SRINIVASA RAO *et al.*, 2017). A comunidade microbiana e as enzimas do solo são codependentes entre si, contribuindo ativamente para a fertilidade do solo, bem como para outros parâmetros físico-químicos do solo (ACOSTA-MARTINEZ *et al.*, 2018).

A microbiota é uma das principais fontes de enzimas no solo (GARDNER *et al.*, 2011). Por sua vez, a atividade enzimática reflete em parâmetros bioquímicos do solo que interferem na comunidade microbiana (MATSUOKA; MENDES; LOUREIRO, 2003). Assim, a codependência microbiota/enzima, faz com que a atividade enzimática seja extremamente responsiva a qualquer perturbação no solo e, portanto, considerada um dos principais indicadores da saúde do solo (NOTARO *et al.*, 2018).

Desta forma, a atividade enzimática do solo pode atuar como um mecanismo que auxilia no diagnóstico da qualidade do solo e nas tomadas de decisões em áreas agrícolas, possibilitando o incremento produtivo (MENDES *et al.*, 2021).

Dentre as principais enzimas do solo, destacam-se a arilsulfatase, β -glicosidase e a fosfatase, que estão associadas, respectivamente, aos ciclos do enxofre, carbono e fósforo, e que têm alta sensibilidade a alterações no solo, sendo usadas como bioindicadores em diversas pesquisas (MATSUOKA; MENDES; LOUREIRO, 2003; WYSZKOWSKA; KUCHARSKI; KUCHARSKI, 2010; LOPES *et al.* 2015).

2.4.5.1 Arilsulfatase (ARS) (EC 3.1.6.1)

A sulfatase é um importante grupo de enzimas responsável pela hidrólise de ésteres de sulfato para liberar sulfato inorgânico ao solo e compõe, pelo menos, três grandes subgrupos: arilsulfatase, dioxigenases e alquilsulfatases (GAO *et al.*, 2015).

Destes subgrupos destaca-se a arilsulfatase, a primeira sulfatase detectada na natureza e uma importante enzima que atua na ciclagem de enxofre por meio da liberação de SO_4^{2-} disponível para as plantas (XUE *et al.*, 2022). A arilsulfatase tem sido estudada desde a década de 70 e os estudos evidenciam a possibilidade de influência da atividade desta enzima com fatores como matéria orgânica do solo (CHEN *et al.*, 2019) e profundidade do solo (NOGUEIRA; MELO, 2003).

A influência da arilsulfatase com os fatores supracitados, bem como com outros atributos microbiológicos, tais como carbono da biomassa microbiana e respiração basal, fazem desta enzima uma escolha recomendada como bioindicador da qualidade do solo (MENDES *et al.*, 2020).

2.4.5.2 β -glicosidase (BGL)

O complexo celulosossomo é responsável pela hidrólise da celulose em glicose, a partir da ação das celulasas endoglucanase (EC 3.2.1.4), exoglucanase (EC 3.2.1.91) e β -glicosidase (EC 3.2.1.21) (TABATABAI, 1994). Desta forma, a endoglucanase cliva regiões amorfas da cadeia interna de polissacarídeos da celulose liberando novos oligossacarídeos de tamanhos menores, por sua vez a exogluconases ou celobiohidrolases atacam ligações externas da celulose liberando moléculas de celobiose ou mesmo glicose e por último a β -glicosidase

que hidrolisa oligossacarídeos solúveis e celobiose em moléculas de glicose (CASTRO; PEREIRA JÚNIOR, 2010).

A celulose é uma das principais fontes de carbono, estando presente nos solos, podendo ser clivada por bactérias e fungos a depender do seu teor e da temperatura (30 – 50 °C) e pH (5-6) do ambiente (DOYLE *et al.*, 2006).

A β -glicosidase é um grupo enzimático importante para a degradação da celulose, tendo grande importância no ciclo do carbono (MATSUOKA; MENDES; LOUREIRO, 2003). Tal enzima é uma das mais comuns encontradas nos solos e uma das mais importantes na degradação da MOS, liberando importantes fontes de energia aos micro-organismos do solo (TURNER *et al.*, 2002). Existe uma relação direta a qual o aumento da MOS, rica em carbono, pode refletir incrementos na atividade da β -glicosidase, bem como a redução da MOS frequentemente implica em uma redução na atividade desta enzima (STIEVEN *et al.*, 2020).

Diante do exposto, a análise da β -glicosidase no solo é comum e bastante informativa, tendo sido utilizada como um bom indicador da qualidade do solo, apontando eficazmente os efeitos de manejo, estresses abióticos e com grande importância ecológica, devido refletir a microbiota associada ao ciclo de carbono (PASSINATO *et al.*, 2021; EZEOKOLI *et al.*, 2020; TURNER *et al.*, 2002).

2.4.5.3 Fosfatases

O fósforo (P) é um elemento essencial para a agricultura. Em solos brasileiros encontra-se em concentrações baixas de disponibilidade para as plantas, sendo necessário a importação de fertilizantes fosfatados para suprir esta carência (PAVINATO *et al.*, 2020).

No sistema solo, o fósforo poder ser dividido em inorgânico (Pi) e orgânico (Po), podendo se apresentar na forma lábil (troçável) ou não (LEITE *et al.*, 2016). O ciclo do fósforo envolve estas frações orgânicas e inorgânicas (NUNES *et al.*, 2020). Contudo, o Po é indisponível para as plantas, sendo necessário sua mineralização para torná-lo inorgânico e lábil (DODD; SHARPLEY, 2015). Convém mencionar que o P, na maioria dos solos, tem baixa mobilidade e, mesmo na forma inorgânica, ele pode estar indisponível às plantas, pois suas moléculas podem estar fixadas pela adsorção à elementos como Al, Fe e Ca (KLEIN; AGNE, 2012).

A mineralização do fósforo orgânico em inorgânico ou mesmo a mobilização do Pi fixado em sítios, para torná-lo disponível para as plantas, é dependente de enzimas denominadas de fosfatases (TIAN *et al.*, 2016).

As fosfatases podem ser classificadas em alcalina (FAL, EC 3.1.3.1) e ácida (FAC, EC 3.1.3.2), conforme o pH ótimo de cada uma delas (pH 11,0 e 6,5, respectivamente), de forma que a FAL é predominante em solos alcalinos e a FAC em solos ácidos (ROJO *et al.*, 1990). Por este motivo, como no Brasil a predominância é de solos ácidos a FAC é geralmente mais estudada (MENDES *et al.*, 2019).

Diversos autores relatam que os micro-organismos são capazes de produzir FAC e FAL, mas as plantas, por meio da acidificação da rizosfera e através dos exsudatos radiculares, só podem liberar as FAC (CHEN *et al.*, 2019; SPOHN *et al.*, 2015; NANNIPIERI *et al.*, 2011). Como o fósforo é um elemento limitante da produção agrícola no Brasil, isso demonstra a importância das fosfatases e consequentemente dos micro-organismos que as regem (JANES-BASSETT *et al.*, 2022). Esse fato pode ser elucidado nas pesquisas de Wei *et al.* (2021) e Yang *et al.* (2022a), as quais demonstram correlação positiva entre a produtividade e a atividade das fosfatases no solo.

Contudo, embora valores elevados de fosfatases possam estar relacionados ao aumento da produtividade e correlacionados positivamente com a biomassa microbiana, Nannipieri *et al.* (2011) relatam que tais valores podem também indicar a baixa disponibilidade de P no solo. Uma vez que a carência de P disponível no solo pode induzir os micro-organismos e as raízes a liberar fosfatases (MNDZEBELE *et al.*, 2020).

2.4.6 Bioinformática aplicada a dados ecológicos

2.4.6.1 Curvas de rarefação

Proposto inicialmente por Sanders (1968), o conceito de rarefação consiste em reduzir as leituras de amostras maiores para que se igualem o número de leituras de todas as amostras a um determinado limite, possibilitando que métricas de diversidade possam ser calculadas independentes das disparidades dos tamanhos amostrais (WEISS *et al.*, 2017).

Desta forma, a curva de rarefação consiste em uma métrica gráfica para relacionar a função do número de *reads* sequenciados pelo número acumulado de ASV (ou OTU) (HE *et al.*, 2015). Tem por base o princípio de que toda comunidade ecológica tem um número de

espécies finito. Assim, o número de organismos observados aumenta com o esforço amostral até que todos sejam observados (HUGHES *et al.*, 2001). Isso implica que a curva de rarefação é crescente e, caso a profundidade de sequenciamento amostral seja suficiente para estimar a diversidade, será assíntota (WANG *et al.*, 2019).

Construir uma curva de rarefação implica em analisar o número de espécies de múltiplos fracionamentos amostrais e pode incluir réplicas computacionais para reduzir comparações errôneas de diversidades ecológicas (CAMERON *et al.*, 2020). Para isso, alguns autores optam por observar o número definido pelo platô da maioria das amostras (AHMAD *et al.*, 2022; SMERCINA *et al.*, 2021; LI *et al.*, 2018; BECKER *et al.*, 2017), já outros adotam o número da menor sequência (KENYA *et al.*, 2022; TONG *et al.*, 2021; PÉREZ-JARAMILLO *et al.*, 2019). Existem, ainda, autores que defendem a extrapolação ao invés da rarefação, a fim de possibilitar menor perda de espécies raras (LI *et al.*, 2022a; BRUMFIELD *et al.*, 2020; JOHNSON *et al.*, 2016;). Assim, o processo e metodologia de rarefação (ou não rarefação) depende do processo de geração de dados e das características dos dados (HONG *et al.*, 2022).

De uma forma geral, a técnica de rarefação tem sido utilizada para analisar a diversidade de comunidades dependentes do tamanho amostral e que podem ser comparadas pela curva, sendo a comunidade mais diversa aquela que a curva ficar mais acima (YOUSSEF; ELSHAHED, 2008).

2.4.6.2 Diversidade alfa, Beta e Gama

A diversidade biológica representa um dos principais componentes que compõe o ecossistema, estando relacionada à composição e organização das comunidades bióticas (PROTASOV *et al.*, 2019).

Comumente duas métricas de diversidade têm sido empregadas para determinar padrões de diversidade: a diversidade alfa e a diversidade beta (SCHUSTER; TREMARIN; SOUZA-FRANCO, 2015).

A diversidade alfa, também conhecida como diversidade local, tem relação com o número (riqueza) e equabilidade de espécies dentro de uma determinada comunidade (WILLIS, 2019). A diversidade alfa é comumente representada por índices, entre os quais destacam-se o de Shannon (que atribui peso maior em espécies raras), Simpson (pouco influenciado por espécies raras) e Chao1 (que tem relação com espécies raras de baixa abundância ou frequência amostral) (KIM *et al.*, 2017).

O índice de Shannon reflete a incerteza em prever a espécie de um indivíduo, de forma que quanto maior o índice, maior a incerteza e, consequentemente, maior a diversidade da amostra (URAMOTO; WALDER; ZUCCHI, 2005).

Já o índice de Simpson caracteriza a dominância, refletindo a probabilidade de dois indivíduos escolhidos ao acaso serem da mesma espécie. Assim, quanto maior o índice de Simpson, maior será a probabilidade de dois indivíduos serem da mesma espécie e, consequentemente, menor será a diversidade da amostra (URAMOTO; WALDER; ZUCCHI, 2005).

Por sua vez, o índice de Chao1 estima o número de espécies raras dentro de uma amostra sendo um estimador da riqueza da amostra de forma que quanto maior o valor deste índice, maior as espécies raras e maior a riqueza estimada (FERRAZ; GADELHA; AGUIAR-COELHO, 2009).

Já a diversidade beta compara a composição de espécies ao longo do espaço-tempo, descrevendo sua similaridade ou distinção (ROCHA *et al.*, 2019).

Por último, a diversidade gama refere-se à variedade total de espécies em um determinado habitat, sendo uma medida de diversidade influenciada tanto pela diversidade regional quanto pela diversidade local (BENONE e MONTAG, 2021). Considerada a soma da diversidade alfa e da diversidade beta, a diversidade gama microbiológica do solo fornece informações valiosas sobre as interações complexas entre os micro-organismos e seu ambiente, sendo uma ferramenta valiosa para a avaliação da saúde e qualidade dos solos, bem como para o gerenciamento sustentável dos recursos do solo (PORTER *et al.*, 2023).

2.4.6.3 Espécie indicadora

Os micro-organismos do solo são essenciais para a compreensão de processos ecossistêmicos (JOERGENSEN; WICHERN, 2018). O microbioma do solo está associado à funções-chave de suporte à vida, de forma que se torna vital dispor de indicadores biológicos capazes de representar a qualidade do solo e as características funcionais do ecossistema, mesmo diante de mudanças ambientais de cunho antropológico (SCHLOTTER *et al.*, 2018).

Nesse contexto, espécies com forte relação ao ambiente são particularmente úteis para medidas de conservação e monitoramento ambiental, podendo ser utilizadas como indicadoras desses ambientes (OLIVER; BEATTIE, 1996). Além disso, os bioindicadores podem relacionar mudanças ambientais à comunidade ou ecossistema, bem como indicar a diversidade de determinados taxa ou de um ambiente (COLARES *et al.*, 2021).

Diante da importância do estudo de espécies indicadoras, surge o IndVal (valor indicador) como métrica para encontrar espécies indicadores de um determinado grupo de amostras. O método foi desenvolvido por Dufrene e Legendre (1997) e consiste em relacionar a abundância relativa com sua frequência de ocorrência, atendendo os critérios de especificidade e fidelidade (KORB; STODDARD; HUFFMAN, 2020). A métrica IndVal assume valores de 0 a 1 (0 a 100%), sendo o valor máximo indicativo de que todos os indivíduos da espécie são encontrados em todas as amostras daquele grupo (NADAL, 2022).

2.4.6.4 Diversidade funcional

A microbiota do solo tem grande importância para o funcionamento dos ecossistemas, em virtude de participar de diversos processos funcionais dos ciclos geoquímicos (WAGG *et al.*, 2019), da decomposição da matéria orgânica (LASA *et al.*, 2019), da disponibilidade de nutrientes à planta (HAKIM *et al.*, 2021), em processos de bioremediação (LIU *et al.*, 2020a; GIOVANELLA *et al.*, 2020) e de controle de pragas e doenças (FRANCIS *et al.*, 2020).

Os micro-organismos têm nichos ecológicos e funções específicas dentro do ecossistema, e a diversidade funcional das comunidades regem a produtividade, resiliência e resistência daquele ecossistema (MULLER *et al.*, 2019).

Segundo Díaz e Cabido (2001) a diversidade funcional está relacionada aos atributos funcionais dos micro-organismos. Por sua vez, um atributo funcional é descrito como

qualquer característica do indivíduo que tenha efeito em sua adaptabilidade e que possa afetar o ecossistema (VIOLLE *et al.*, 2007).

A análise da diversidade filogenética pode ser realizada, em alta resolução, por meio do sequenciamento do gene 16S rRNA (HAKIM; IMRAN; MIRZA, 2021; DURANTI *et al.*, 2019). Já as análises funcionais podem ser previstas com o uso de ferramentas com base no gene 16S RNA, como o Tax4fun (BREITKREUZ *et al.*, 2021). Esta ferramenta não substitui todo o perfil meta-ômico funcional, principalmente quando se utiliza como base amplicons curtos (como no NGS), contudo pode ser útil em pré-estudos funcionais.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Nada é tão pequeno que não possa ser sequenciado (Adaptado de Allan Kardec)

Esta pesquisa foi dividida em dois estudos, denominados: Estudo 1 - Influência dos genótipos de cajueiro sob o microbioma do solo e Estudo 2 - Influência do manejo do solo sob o microbioma do solo cultivado com cajueiros CCP 76. Para efeito de simplificação, trataremos apenas como Estudo 1 e Estudo 2.

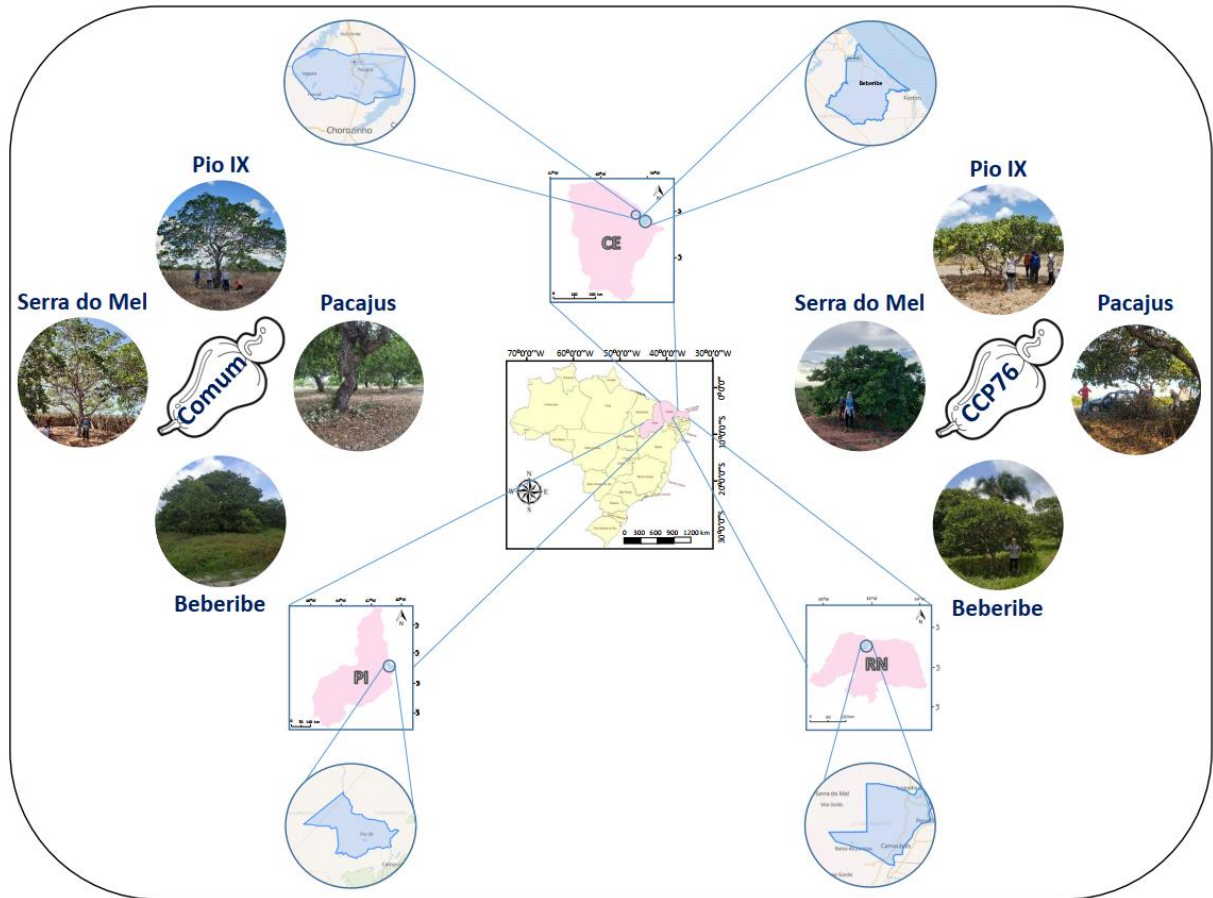
O Estudo 1 consistiu na análise do microbioma do solo em função dos genótipos de cajueiro do tipo comum e do tipo anão cultivar CCP 76. Já o Estudo 2 considerou a influência do manejo do solo cultivado com cajueiros do tipo anão CCP 76.

Em ambos os estudos, além do microbioma do solo, foram considerados aspectos físicos (capacidade de campo, densidade do solo e umidade gravimétrica e volumétrica do solo), químicos (pH, soma de bases trocáveis, capacidade de troca catiônica efetiva, saturação por alumínio, carbono orgânico total e teores de Ca, Mg, Al, K, Na, P, Zn, Fe, Cu e Mn), bioquímicos (atividades enzimáticas da β -glicosidase, arilsulfatase e das fosfatases ácidas e alcalinas) e biológicos (respiração basal do solo, carbono da biomassa microbiana do solo e quocientes microbiano e metabólico do solo) relacionados ao solo cultivado com cajueiros.

3.1 Amostragem

Foram coletadas amostras de aproximadamente 1,5 kg de solo relacionadas aos genótipos de cajueiro do tipo comum e do tipo anão cultivar CCP 76, de cada um dos quatro municípios Beberibe-CE, Pacajus-CE, Pio IX-PI e Serra do Mel-RN (Figura 4).

Figura 4 – Localização dos quatro municípios onde foram coletadas as amostras de solo cultivado com cajueiros para as análises físicas, químicas, biológicas, bioquímicas e de sequenciamento de DNA. Detalhe para os cajueiros (comum e anão CCP 76) de cada uma dessas regiões.



Fonte: Autor.

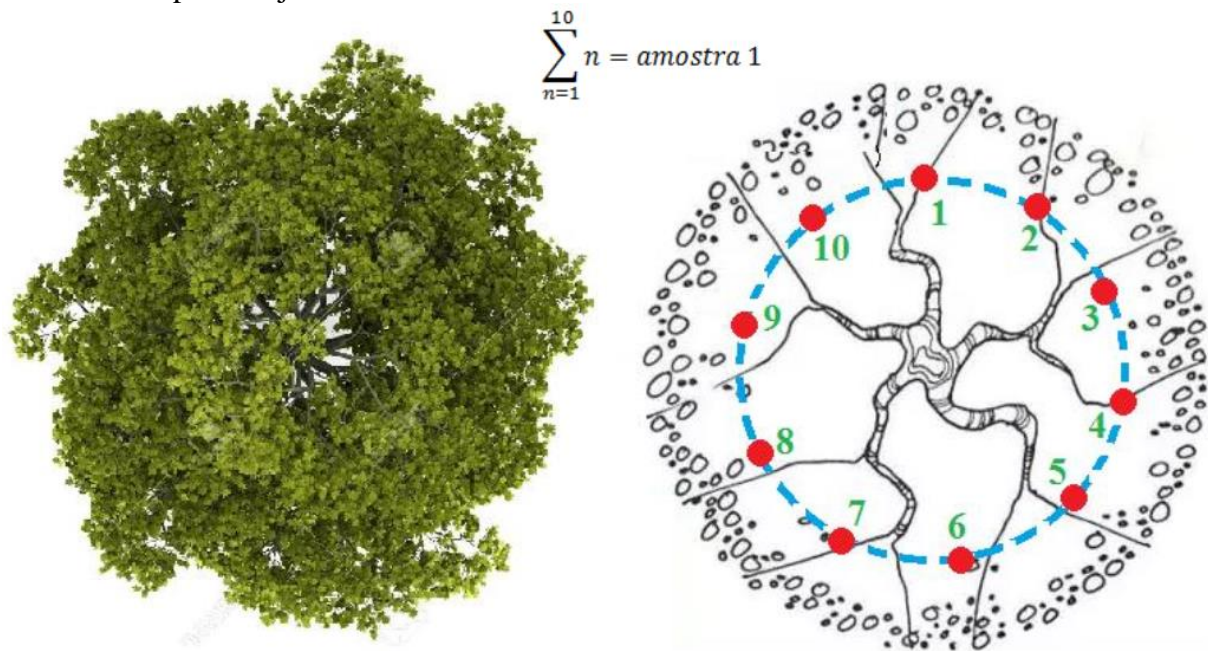
Além disso, para cada região (município) e genótipo de cajueiro, houve coleta de amostras de solo no período chuvoso (janeiro a junho) e no seco (julho a dezembro). E ainda, de cada uma das condições supracitadas houve coleta de solos em regiões com e sem ação antrópica (manejo) (exceto para a variedade comum do cajueiro, o qual não havia realização de tratamentos culturais). A amostragem constou de 5 repetições (uma por planta) em cada uma dessas condições, totalizando 120 amostras, compondo 24 tratamentos, sendo 4 regiões – Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX x 2 períodos – chuvoso e seco x (2 genótipos sem manejo – CCP 76 e comum + 1 genótipo com manejo CCP 76) com suas 5 repetições cada (Tabela 2). Dados do georreferenciamento das amostras como latitude, longitude e altitude, para cada local de coleta, pode ser conferido no Apêndice H.

Tabela 2 – Tabulação referente as 24 condições de coleta das amostras de solo desta pesquisa.

Genótipos	Manejo	Estações	Locais
Comum	Sem	Chuvosa	Beberibe
			Pacajus
			Serra do Mel
			Pio IX
	Seca	Chuvosa	Beberibe
			Pacajus
			Serra do Mel
			Pio IX
CCP 76	Sem	Chuvosa	Beberibe
			Pacajus
			Serra do Mel
			Pio IX
	Com	Chuvosa	Beberibe
			Pacajus
			Serra do Mel
			Pio IX
Seca	Chuvosa	Beberibe	
		Pacajus	
		Serra do Mel	
		Pio IX	

As amostras de 1,5 kg de solo foram coletadas com o auxílio de uma sonda, na profundidade de 0 - 40 cm, e constituídas de 10 subamostras retiradas da região central das raízes, compreendida como a região intermediária delimitada por aproximadamente metade do diâmetro da sombra da copa, em um delineamento de coleta circular (Figura 5). As subamostras foram coletadas circundando a copa, para mitigar possíveis interferências que pudessem ocorrer nas determinadas regiões, seja por receber maior radiação solar, seja por questões de lixiviação no período chuvoso, ou por qualquer outra variante que pudesse interferir na microbiota gerando diferenças de um ponto ou outro do solo cultivado com cajueiro.

Figura 5 – Esquema de delineamento da coleta das amostras: (a) diâmetro da copa da planta de cajueiro; (b) Pontos (marcados em vermelho) de coleta das dez subamostras de solo na região compreendida como o perímetro delimitada por aproximadamente metade do diâmetro da sombra da copa do cajueiro.



Fonte: Autor.

Todas as plantas de cajueiros onde as amostras de solo foram coletadas foram georreferenciadas e identificadas com placas de plástico, contendo informações sobre o genótipo, manejo, local, estação e repetição. O objetivo dessas identificações era garantir que a 1ª e a 2ª coleta de solo fossem coletadas na mesma planta.

Ainda no campo, as amostras de 1,5 kg (total de solo coletado), foram separadas e identificadas em cinco frações (quatro de 300 g e uma de 10 g). As embalagens de cada fração da amostra foram lacradas com abraçadeiras coloridas (preta, cinza, vermelha, amarela, branca, verde, azul, laranja) que identificavam as 4 regiões e as 2 estações. Após, as embalagens com as amostras foram inseridas em recipientes (caixas de isopor) com gelo, a fim de preservar ao máximo a microbiota durante o trajeto do campo até os laboratórios. No Laboratório de Microbiologia do Solo (LMS) da UFC duas frações de 300g de cada amostra foram destinadas a análises físicas e químicas. Tais amostras foram inicialmente secas ao ar, na sombra, na bancada do laboratório, por 24 a 48 h, destorroado e posteriormente passado em um conjunto de duas peneiras, uma superior com malha de 20 mm e outra inferior com malha de 2 mm. Tal solo seco e peneirado conforme metodologia supracitada foi denominado de terra fina seca ao ar (TFSA).

As outras duas frações de 300 g foram refrigeradas em um freezer horizontal com temperatura configurada para a faixa de 2 a 4 °C, sendo uma delas destinada às análises

enzimáticas e a outra para as determinações microbiológicas (RBS, C-BMS, qCO₂ e qMic). Do restante do solo, foi guardado cerca de 150 g de forma refrigerada e 140 g seco ao ar e acondicionado em temperatura ambiente, como segurança, caso fosse necessário repetir alguma análise.

As amostras de 10 g de solo foram encaminhadas para o Laboratório de Fisiologia Vegetal da Embrapa Agroindústria Tropical para liofilização, seguida de resfriamento e acondicionamento a -80 °C, ambos processos realizados no Laboratório de Fisiologia Vegetal da Embrapa Agroindústria Tropical, sendo tal fração de solo destinada à extração de DNA para o sequenciamento.

3.2 Áreas de estudo

3.2.1 Principais características das regiões de coleta das amostras

3.2.1.1 Município de Beberibe

Beberibe é um município brasileiro do estado do Ceará, localizado na microrregião de Cascavel, mesorregião do norte cearense, cujas coordenadas geográficas são 04° 10' 47" S de latitude, 38° 07' 50" W de longitude e 12 m de altitude. Trata-se de uma região litorânea de clima tropical com verão chuvoso e inverno seco, classificado como As de acordo com Köppen e Geiger (1928). As temperaturas e pluviosidades médias anuais em Beberibe são 26,6 °C e 1231 mm, respectivamente. Nesta região há predominância de solos classificados como Neossolos quartzarênicos distrófico (NQd) (RAMOS *et al.*, 1997).

Nesta localidade o solo associado a cultivar CCP 76 na condição sem manejo estava em pousio por volta 6 anos, enquanto o do genótipo comum a mais de 10 anos, de forma que, em ambas as estações, havia quantidade considerável de vegetação nativa em toda a área do solo ao redor do cajueiro. Já o solo referente à CCP 76 na condição com manejo, durante a estação chuvosa, nas entrelinhas a vegetação nativa foi mantida, contudo na área ao redor da copa do cajueiro essas vegetações eram completamente limpas deixando o solo descoberto. Por sua vez, nos dias da coleta de solo realizada em Beberibe durante a estação seca, por já estar próximo do início da quadra chuvosa, houve precipitação pluviométrica na semana da coleta, fato que fez brotar um pouco de vegetação na área próxima aos cajueiros.

3.2.1.2 Município de Pacajus

Pacajus está localizado na região metropolitana de Fortaleza, a aproximadamente 55 km da capital cearense, apresentando coordenadas geográficas de 04° 10' 21" S de latitude, 38° 27' 38" W de longitude e 60 m de altitude. Trata-se de uma região de clima tropical com o período de verão-outono, classificado como Aw' de acordo com Köppen e Geiger (1928). As temperaturas e pluviosidades médias anuais em Pacajus são 28,0 °C e 983 mm, respectivamente. No campo experimental de Pacajus da Embrapa Agroindústria Tropical, neste município, o levantamento de solos indicou predominância de Argissolos Vermelho-Amarelos (91,6%) e Neossolos Quartzarênicos (8,4%) (ARAÚJO, 2015).

O solo referente a região onde foram coletadas as amostras de Pacajus, principalmente na condição sem manejo, possuía a maior camada de MOS entre todas as regiões analisadas. A área sem manejo referente a cultivar CCP 76 possuía densa vegetação nativa, dificultando até o acesso para a coleta, enquanto referente ao genótipo comum ficava localizado próximo a regiões de passagem de carros e maquinários, havendo pouca vegetação nativa. Em ambos os casos, as áreas e os cajueiros estavam em pousio por cerca de 15 anos. Por sua vez, a área onde estavam cultivados os cajueiros CCP 76 na condição com manejo havia considerável MOS e a cobertura vegetal abaixo da copa era limpa durante a época de colheita.

3.2.1.3 Município de Pio IX

Pio IX é um município brasileiro do estado do Piauí, localizado na mesorregião sudeste do Piauí, cujas coordenadas geográficas são 6° 50' 15''S de latitude, 40° 34' 45''W de longitude e 495 m de altitude. O clima da região é o tropical quente semiárido, que de acordo com a classificação Köppen e Geiger (1928) é o Bsw'h', com período chuvoso iniciando-se em janeiro ou fevereiro, prolongando-se até maio. As temperaturas e pluviosidades médias anuais em Pio IX são 25,0 °C e 636 mm, respectivamente. A classificação de solo predominante da região é Latossolo Amarelo Álico, com pH ácido (< 5,0), distrófico e textura arenosa (SERRANO, MELO, VIDAL NETO, 2017).

A fazenda de onde foram coletadas as amostras de solo de Pio IX era a maior em termos de dimensões dentre todas as quatro regiões analisadas. Assim, a área cultivada para cada condição dista entre si de mais de 10 km uma da outra. Na condição sem manejo o solo da área cultivada com CCP 76 estava em pousio por cerca de 8 a 10 anos e o da área com o

genótipo comum a mais de 10 anos. Desta forma, o solo das proximidades dos cajueiros desta condição sem manejo, independente do genótipo, estava com densa cobertura vegetal nativa, em determinadas regiões havia vegetação nativa com mais de 1 m de altura. Contudo, tal cobertura vegetal estava seca durante a estação seca e verde durante a estação chuvosa, o contrário do que ocorreu com a área sem manejo de Beberibe. Por outro lado, na condição com manejo todas as entrelinhas o solo era completamente descoberto de cobertura vegetal, já nas regiões próximo a copa dos cajueiros era mantida um pouco de vegetação rasteira como cobertura vegetal, tanto no período seco, quanto no chuvoso.

3.2.1.4 Município de Serra do Mel

Serra do Mel é um município brasileiro do estado do Rio Grande do Norte, situa-se na mesorregião oeste potiguar e na microrregião de Mossoró, cujas coordenadas geográficas são 5° 10' 12" S de latitude, 37° 01' 46" W de longitude e 215 m de altitude. A coleta se deu em região do assentamento Canto Comprido. O clima da região é classificado como Bsw'h' de acordo com Köppen e Geiger (1928). As temperaturas e pluviosidades médias anuais são 26,0 °C e 724 mm, respectivamente. A classificação de solo predominante da região é Latossolo Vermelho Amarelo (LVA) (FRANCELINO, FERNANDES FILHO, RESENDE, 2005).

Nessa região a área cultivada com cajueiros CCP 76 dista mais de 10 km da área cultivada com cajueiros comum. O solo relacionado a área cultivada com cajueiros comuns se localizava em uma região próxima a zona habitada pelos moradores e embora o solo referente à tais cajueiros não era manejado, a cerca de 50 m dos cajueiros havia criação de galinhas, horta, bem como, acesso da região por animais domésticos. Já a área cultivada com o CCP 76, tanto para condição com manejo, quanto para sem manejo, ficavam próximas uma da outra. O solo associado a condição sem manejo da CCP 76 estava em pousio por cerca de 5 anos, apresentando vegetação nativa, e em grande parte rasteira, nos arredores dos cajueiros. Já o solo associado a condição com manejo da CCP 76 estava completamente descoberto de cobertura vegetal nativa durante a coleta na estação chuvosa e durante a estação seca estava no início do período de manejo, sendo retirada a pouca cobertura vegetal que estava presente no início dessa estação.

Na Tabela 3 constam as principais informações sobre as áreas onde as amostras de solo foram coletadas.

Tabela 3 – Principais informações dos municípios onde foram coletadas as amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiros para as análises físicas, químicas, biológicas e bioquímicas.

Característica	Região			
	Beberibe	Pacajus	Serra do Mel	Pio IX
Localização geográfica	04° 10' 47" S 38° 07' 50" W	04° 10' 21" S 38° 27' 38" W	05° 10' 12" S 37° 01' 46" W	06° 50' 15" S 40° 34' 45" W
Altitude (m)	12	60	215	495
Clima*	As	Aw'	Bsw'h'	Bsw'h'
Temperatura média (°C)	26,6	28,0	26,0	25,0
Pluviosidade média (mm ano ⁻¹)	1231	983	724	636
Tipo de solo predominante	NQd	AVA	LVA	LAAd

* Conforme classificação de Köppen e Geiger (1928). LVAe - Latossolo Vermelho Amarelo Eutrófico; LAAd - Latossolo Amarelo Álico distrófico; AVA - Argissolos Vermelho-Amarelos; NQd - Neossolos quartzarênicos distrófico. Fonte: Autor.

3.3 Análises físicas e químicas

3.3.1 Análises físicas

3.3.1.1 Densidade do solo

A densidade do solo foi calculada, para cada uma das 120 amostras de solo, pelo método da proveta conforme descrito por Teixeira *et al.* (2017). Todo o procedimento desta análise foi realizado no Laboratório de Microbiologia do Solo da Universidade Federal do Ceará, durante o período de 21 a 28 de agosto de 2020.

A densidade do solo foi calculada pela equação 1.

$$D_s = \frac{m \cdot f}{V} \quad (1)$$

Onde:

D_s = Densidade do solo, em kg dm⁻³ (Equivalente a g cm⁻³ ou a Mg m⁻³)

m = Massa da amostra de solo (TFSA), em g

V = volume de solo na proveta, em cm⁻³

f = Fator de correção de umidade da amostra

O valor do fator de correção (f) serve para poder relacionar o solo seco ao ar (TFSA) com o seco em estufa a 105 °C (TFSE). O valor de f foi expresso, conforme equação 2.

$$f = \frac{a}{b} \quad (2)$$

Onde:

a = Massa da amostra de TFSA, em g

b = Massa da amostra de TFSE, em g

f = Fator de correção de umidade da amostra

3.3.1.2 Umidade gravimétrica do solo (u)

A umidade gravimétrica do solo (u) foi mensurada para todas as amostras coletadas, conforme procedimento descrito por Teixeira *et al.* (2017). Todo o procedimento desta análise foi realizado no Laboratório de Ecologia de Manguezais (Ecomangue), utilizando de alguns equipamentos do Laboratório de Zoologia e Botânica (Zoobotânica), ambos, do Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE), *campus* Acaraú, durante o período de 11 a 16 de setembro de 2020.

O valor da umidade do solo atual foi mensurado conforme equação 3.

$$u = \frac{m_{TFSA} - m_{TFSE}}{m_{TFSE}} \quad (3)$$

Onde:

m_{TFSA} = Massa da amostra de solo TFSA, em g

m_{TFSE} = Massa da amostra de solo TFSE, em g

u = Umidade gravimétrica atual do solo, $g\ g^{-1}$ (equivalente a $kg\ kg^{-1}$)

Nota 1: para expressar o valor em termos de %, multiplicar o u por 100.

3.3.1.3 Umidade volumétrica do solo (θ)

A umidade volumétrica do solo (θ) foi obtida a partir da umidade gravimétrica e da densidade do solo e da água, conforme mostrado na equação 4.

$$\theta = u \frac{\rho_{H_2O}}{D_s} \quad (4)$$

Onde:

u = Umidade gravimétrica atual do solo, $g\ g^{-1}$ (equivalente a $kg\ kg^{-1}$)

ρ_{H_2O} = Densidade da água, $kg\ m^{-3}$

D_s = Densidade do solo, $kg\ m^{-3}$

θ = Umidade volumétrica atual do solo, $m^3\ m^{-3}$

Nota 1: para expressar o valor em termos de %, multiplicar o θ por 100.

3.3.1.4 Capacidade de campo (θ_{CC})

A capacidade de campo (θ_{CC}) foi estimada pelo método do bulbo úmido em todas as 120 amostras de solo coletadas, conforme descrito por Chaves (2017). Todo o procedimento desta análise foi desenvolvido nos Laboratórios Zoobotânica e Ecomangue do IFCE, *campus* Acaraú, em período simultâneo às análises da umidade do solo descritas anteriormente.

Para a análise da θ_{CC} o bulbo foi pesado em dois momentos, o primeiro enquanto úmido e o segundo seco em estufa a 105 °C por 24 h.

Desta forma, a capacidade de campo foi mensurada conforme a equação 5.

$$\theta_{CC} = \left(\frac{m_{\text{úmido}} - m_{\text{seco}}}{m_{\text{seco}}} \right) \cdot Ds \quad (5)$$

Onde:

$m_{\text{úmido}}$ = Massa do bulbo úmido, em g

m_{seco} = Massa do bulbo seco em estufa a 105 °C, por 24 h, em g

Ds = Densidade do solo, em kg dm^{-3} (Equivalente a g cm^{-3} ou a Mg m^{-3})

θ_{CC} = Capacidade de campo, em $\text{m}^3 \text{m}^{-3}$

Nota 1: para expressar o valor em termos de %, multiplicar o θ_{CC} por 100.

3.3.2 Análises químicas

3.3.2.1 Potencial hidrogeniônico do solo (pH)

O pH do solo foi mensurado em água para todas as 120 amostras de solo, conforme metodologia descrita por Teixeira *et al.* (2017). Todo o procedimento desta análise foi realizado no Laboratório de Solos da Embrapa Agroindústria Tropical, durante o período de 21 a 23 de dezembro de 2021, e o pH mensurado com o pHmetro digital (OAKLON[®] ION 2700).

3.3.2.2 Teores de cálcio (Ca), magnésio (Mg) e alumínio (Al)

A determinação dos teores de cálcio (Ca), magnésio (Mg) e alumínio (Al) do solo foi realizada em cada uma das 120 amostras de solo, por meio do extrato de cloreto de amônio (NH_4Cl) conforme procedimento descrito por Raij *et al.* (2001). Nesta análise a preparação dos extratos foi realizada no Laboratório de Microbiologia do Solo da UFC, durante os dias 24 e 25 de abril de 2021. Já a leitura, por meio da técnica de espectrofotometria de emissão ótica em

plasma induzido (ICP), foi realizada no Laboratório de Solos da Embrapa Agroindústria Tropical no dia 26 de abril de 2021.

3.3.2.3 Teores de potássio (K) e sódio (Na)

Os teores de potássio (K) e sódio (Na) foram determinados conforme procedimento descrito por Silva *et al.* (2009) por meio da extração com a solução de Mehlich 1 (conhecida também por solução duplo-ácida). Foram analisadas as 120 amostras, sendo os 24 tratamentos com suas 5 repetições cada.

A preparação dos extratos foi realizada no Laboratório de Microbiologia do Solo da Universidade Federal do Ceará (UFC), durante os dias 12 e 13 de junho de 2021. Já a leitura, por meio da técnica de fotômetro de chama, foi realizada no Laboratório de Química dos Solos da UFC no dia 14 de junho de 2021.

3.3.2.4 Teor de fósforo (P)

A determinação do teor de fósforo (P) foi realizada conforme procedimento descrito por Silva *et al.* (2009), por meio da extração com a solução de Mehlich 1.

Nesta análise, a preparação dos extratos foi realizada no Laboratório de Microbiologia do Solo da Universidade Federal do Ceará, durante os dias 30 e 31 de maio de 2021. Já a leitura foi realizada, por meio do espectrofotômetro, semelhante ao utilizado nas análises enzimáticas, no Laboratório de Manejo dos Solos da UFC no período de 01 a 03 de junho de 2021.

Com a leitura obtida, foi realizado cálculo para quantificar o teor de P estimado, a partir do cálculo da reta da curva padrão (CP). Como trata-se de uma equação do primeiro grau, ela foi expressa por $y = ax + b$, com y representando os valores da absorbância e x os teores de P, em ppm. Desta forma, foi possível resolver a equação para x , para cada valor de absorbância (y) obtido pelas amostras analisadas, conforme equação 6.

$$x = \frac{y-b}{a} \quad (6)$$

Onde:

x = Teor de P estimado, em ppm

y = valor da absorbância registrada para a amostra analisada no espectrofotômetro

a, b = coeficientes angular e linear (respectivamente) da reta estimada pela CP.

Obtendo esse P estimado, e considerando que o extrato utilizou uma relação de 1:10 (solo: solução de Mehlich 1), deve-se, então, multiplicar esse valor estimado por 10, para obter o valor real de P da amostra, em ppm, conforme equação 7.

$$P = x \cdot 10 \quad (7)$$

Onde,

P = Teor de fósforo da amostra, em ppm

x = Teor de P estimado, em ppm

10 = Fator de correção em virtude da relação de 1:10 entre solo e solução extratora (solução de Mehlich 1).

3.3.2.5 Carbono orgânico total (COT)

O carbono orgânico total do solo (COT) foi estimado, para todas as amostras de solo coletadas, conforme Mendonça e Matos (2017). Todo o procedimento desta análise foi realizado no Laboratório de Microbiologia do Solo da UFC, durante os dias 01 e 02 de fevereiro de 2022.

O valor de COT foi estimado conforme equações 8 e 9.

$$A = \frac{[(Vba - Vam) \cdot (Vbn - Vba)]}{Vbn} + (Vba - Vam) \quad (8)$$

Onde:

Vba = Volume gasto na titulação do branco controle com aquecimento

Vbn = Volume gasto na titulação do branco controle não aquecido

Vam = Volume gasto na titulação da amostra

$$COT = \frac{[(A) \cdot (M_{sulfato}) \cdot (3) \cdot (100)]}{m_{amostra}} \quad (9)$$

Onde:

$m_{amostra}$ = massa da amostra, em mg.

$M_{sulfato}$ = molaridade do sulfato ferroso, em mol L⁻¹

COT = Carbono orgânico total do solo, em dag kg⁻¹

3.3.2.6 Teores de zinco (Zn), ferro (Fe), cobre (Cu) e manganês (Mn)

A análise dos micronutrientes zinco (Zn), ferro (Fe), cobre (Cu) e manganês (Mn) foi realizada conforme Silva *et al.* (2009), por meio da extração com a solução de Mehlich 1. Foram analisadas as 120 amostras, sendo os 24 tratamentos com suas 5 repetições cada.

Nesta análise a preparação dos extratos foi realizada no Laboratório de Microbiologia do Solo da Universidade Federal do Ceará (UFC), durante os dias 13 e 14 de junho de 2021. Já a leitura foi realizada, por meio de espectrofotômetro de absorção atômica, no Laboratório de Química dos Solos da UFC (o gás acetileno foi doado pelo Laboratório de Solos da Embrapa Agroindústria Tropical) no período de 15 a 17 de junho de 2021.

3.3.2.7 Soma de bases trocáveis (SB)

Calculado, conforme Teixeira *et al.* (2017), através do somatório dos teores de cálcio, magnésio, potássio e sódio, em cmol_c dm⁻³, de acordo com a equação 10.

$$SB = Ca^{2+} + Mg^{2+} + Na^{+} + K^{+} \quad (10)$$

Onde:

SB = soma de bases trocáveis, em cmol_c dm⁻³.

Ca²⁺, Mg²⁺, Na⁺, K⁺ = teores de cálcio, magnésio, sódio e potássio trocáveis no solo, respectivamente, em cmol_c dm⁻³.

3.3.2.8 Capacidade de troca catiônica efetiva (CTC_{efetiva})

Estimada, conforme Teixeira *et al.* (2017), através do somatório do teor de alumínio com a soma de base trocáveis (SB), em cmol_c dm⁻³, de acordo com a equação 11.

$$CTC_{efetiva} = SB + Al^{3+} \quad (11)$$

Onde:

SB = soma de bases trocáveis, em cmol_c dm⁻³.

Al³⁺ = teor de alumínio trocável no solo, respectivamente, em cmol_c dm⁻³.

CTC_{efetiva} = capacidade de troca de cátions efetiva, em cmol_c dm⁻³.

3.3.2.9 Saturação por alumínio (*m*)

Estimado, conforme Teixeira *et al.* (2017), indica o carácter alítico ou aluminítico do solo e foi expresso pela razão entre o teor de Al^{3+} e a $CTC_{efetiva}$, em termos de porcentagem, de acordo com a equação 12.

$$m = 100 \cdot \frac{Al^{3+}}{CTC_{efetiva}} \quad (12)$$

Onde:

m = saturação por alumínio, em %.

Al^{3+} = teor de alumínio trocável no solo, respectivamente, em $cmol_c dm^{-3}$.

$CTC_{efetiva}$ = capacidade de troca de cátions efetiva, em $cmol_c dm^{-3}$.

3.4 Análises biológicas e bioquímicas de saúde do solo

3.4.1 Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS)

A metodologia da análise do carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS) foi baseada no método de fumigação-extração, descrito por Silva *et al.* (2007) (Figura 6). A análise foi realizada em 120 amostras (conforme tratamentos e repetições) e todo o procedimento foi realizado Laboratório de Microbiologia do Solo da Universidade Federal do Ceará, durante o período de 05 de abril a 20 de maio de 2021.

O teor de carbono do extrato foi mensurado conforme a equação 13.

$$C = \frac{(V_b - V_a) \cdot M \cdot 0,003 \cdot V_1 \cdot 10^6}{m_s \cdot V_2} \quad (13)$$

Onde:

C = Carbono extraído do solo, em $mg C kg^{-1}$ de solo dia^{-1} .

V_b = Volume de sulfato ferroso amoniacal gasto na titulação do branco, em mL.

V_a = Volume de sulfato ferroso amoniacal gasto na titulação da amostra, em mL.

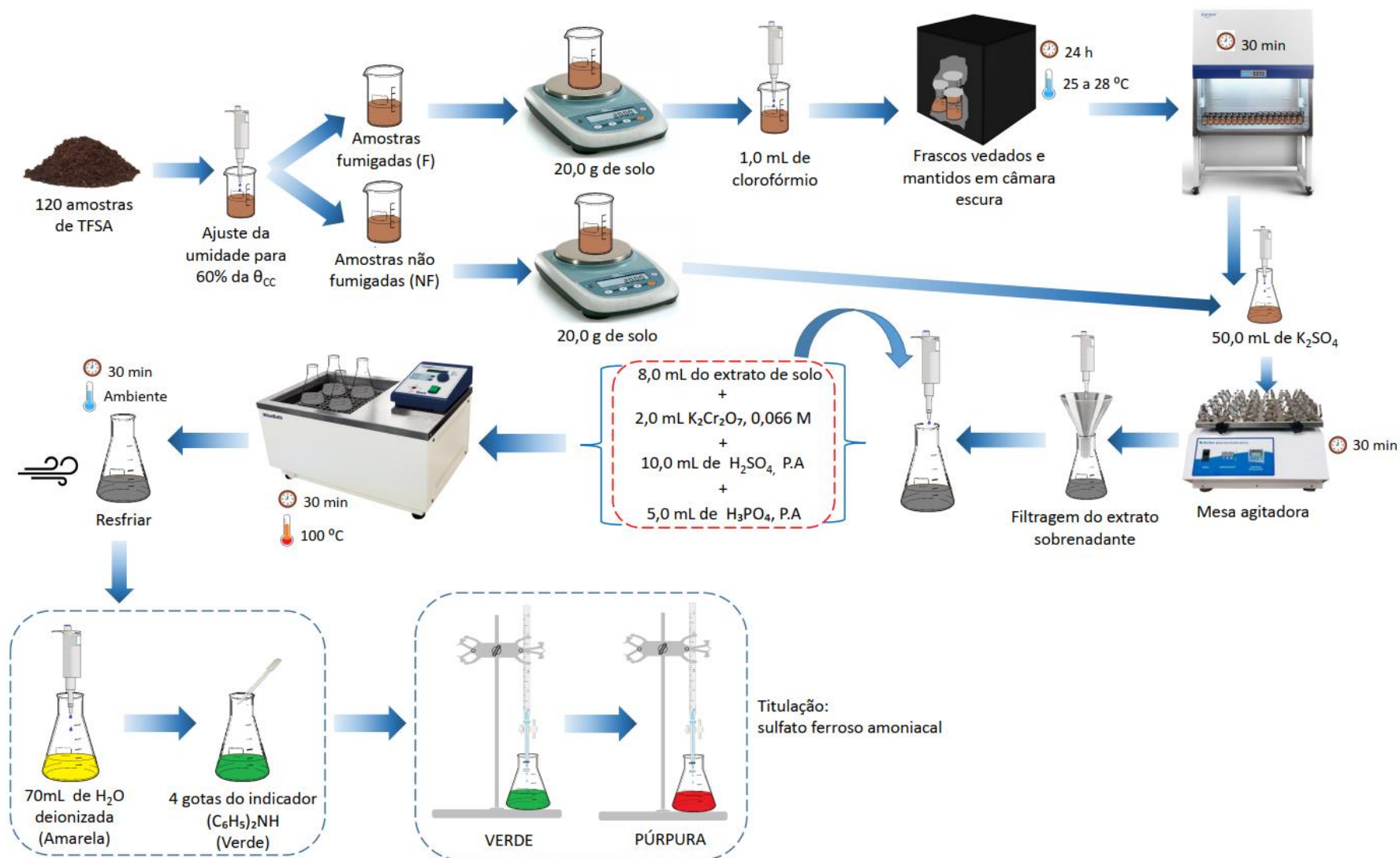
M = Molaridade do sulfato ferroso amoniacal

m_s = Massa do solo seco, g

V_1 = Volume do extrator ($K_2Cr_2O_7$) utilizado, em mL

V_2 = Volume da alíquota pipetada do extrato para titulação, em mL

Figura 6 – Esquema metodológico da análise do carbono da biomassa microbiana do solo pelo método fumigação-extração.



Fonte: Autor.

Com o carbono do extrato tanto das amostras fumigadas quanto das não fumigadas, então pode-se mensurar o C-BMS, conforme equação 14.

$$C - BMS = \frac{(C_{fumigada} - C_{n\grave{a}o\ fumigada})}{k_c} \quad (14)$$

Onde:

C-BMS = Carbono da biomassa microbiana do solo, em mg C microbiano kg⁻¹ de solo dia⁻¹.

C_{fumigada} = Carbono extraído do solo das amostras fumigadas, em mg C kg⁻¹ de solo dia⁻¹.

C_{não fumigada} = Carbono extraído do solo das amostras não fumigadas, em mg C kg⁻¹ de solo dia⁻¹.

K_c = Fator de correção, igual a 0,33, conforme descrito por Sparling e West (1988).

3.4.2 *Respiração basal do solo (RBS)*

A análise da respiração basal do solo (RBS) foi realizada em todas as 120 amostras de solo coletadas e conforme a metodologia descrita por Silva *et al.* (2007), com modificações (Figura 7). As modificações realizadas foram na disposição do solo, que ficou espalhado dentro do vidro maior, e no período de análise que foi de 15 dias. Toda a análise foi desenvolvida no Laboratório de Microbiologia do Solo da Universidade Federal do Ceará, durante o período de 14 de outubro de 2020 a 20 de março de 2021.

O valor da respiração basal do solo (RBS) foi calculado de acordo com a equação 15.

$$RBS = \frac{(V_b - V_a) \cdot M \cdot 6 \cdot 1000 \cdot V_1}{m_s \cdot T \cdot V_2} \quad (15)$$

Onde,

RBS = Respiração basal do solo, em mg C-CO₂ kg⁻¹ de solo dia⁻¹.

V_b = Volume de HCl gasto na titulação da solução controle (branco), em mL.

V_a = Volume de HCl gasto na titulação da amostra, em mL.

M = Molaridade do HCl

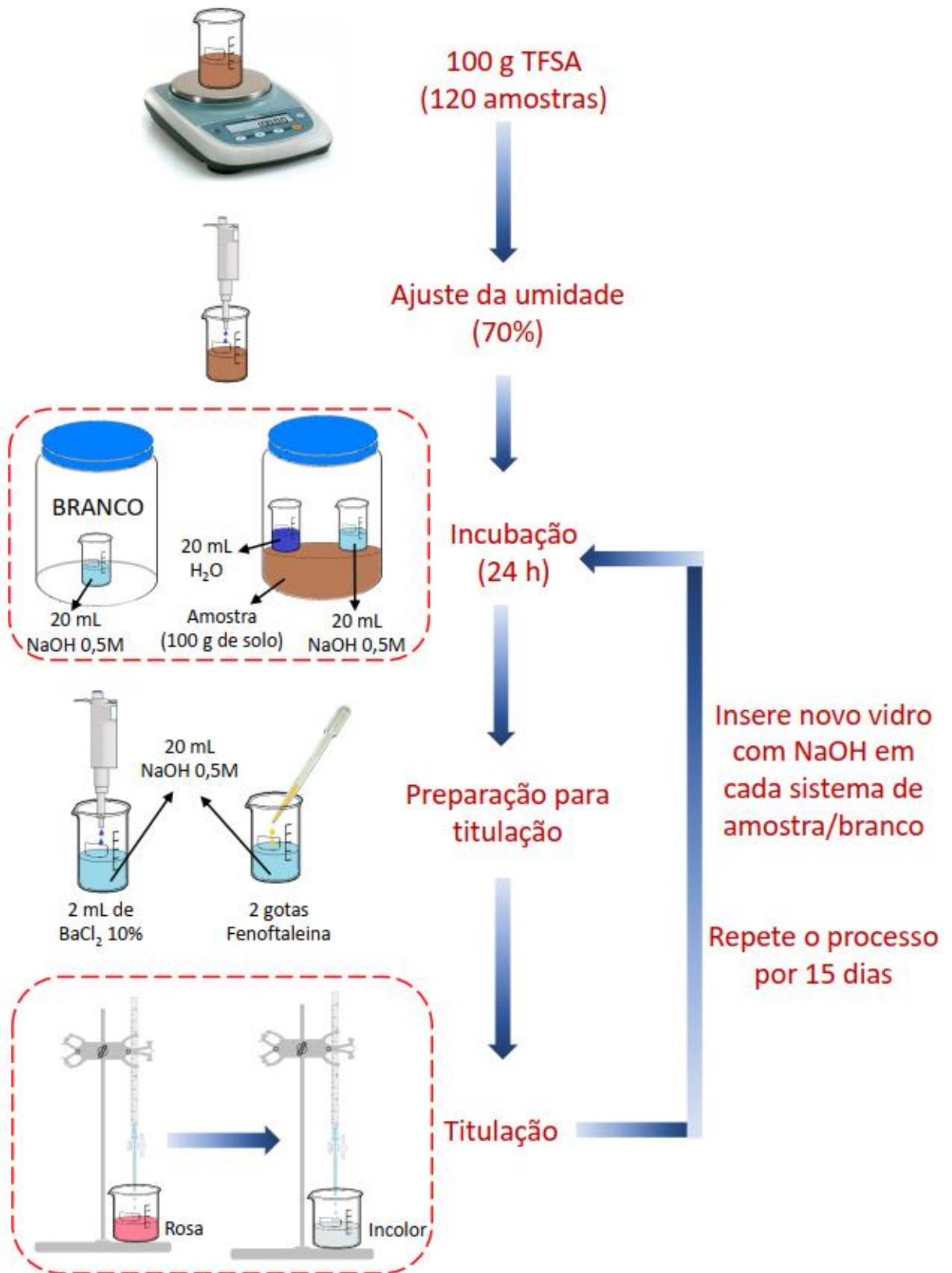
m_s = Massa do solo seco, g

T = Tempo de incubação da amostra, em dia

V₁ = Volume total de NaOH usado na captura de CO₂, em mL

V₂ = Volume de NaOH usado na titulação, em mL

Figura 7 – Esquema metodológico da análise de respirometria basal do solo.



Fonte: Autor.

3.4.3 Quociente microbiano ($qMic$)

O quociente microbiano ($qMic$) foi estimado, conforme descrito por Reis Júnior e Mendes (2007), através da razão entre o C-BMS e o COT, de acordo com a equação 16.

$$QMic = \frac{C-BMS}{COT} \cdot 100 \quad (16)$$

Onde,

C-BMS = carbono da biomassa microbiana, em mg CO₂ kg⁻¹ de solo (equivalente a µg CO₂ g⁻¹ de solo).

COT = Carbono orgânico total do solo, em mg CO₂ kg⁻¹ de solo

QMic = quociente microbiano, dado em %.

3.4.4 Quociente metabólico do solo (qCO_2)

O quociente metabólico do solo (qCO_2) foi calculado, conforme descrito por Silva *et al.* (2007), através da razão entre a RBS e o C-BMS, de acordo com a equação 17.

$$qCO_2 = \frac{RBS}{C-BMS} \quad (17)$$

Onde:

RBS = respiração basal do solo, expressa em mg C-CO₂ kg⁻¹ de solo dia⁻¹.

C-BMS = carbono da biomassa microbiana, em mg CO₂ kg⁻¹ de solo (equivalente a µg CO₂ g⁻¹ de solo).

qCO_2 = quociente metabólico do solo, dado em mg C-CO₂ mg⁻¹ CO₂.

3.4.5 Atividades enzimáticas do solo

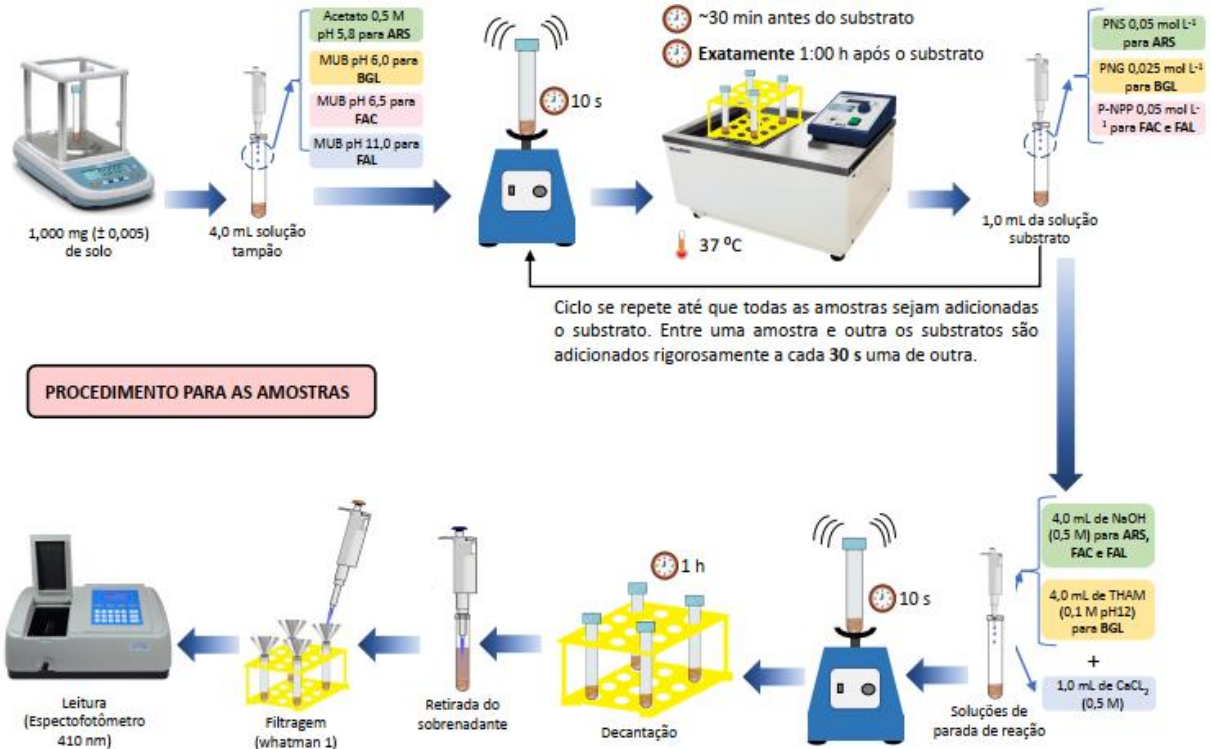
As atividades enzimáticas da arilsulfatase, β-glicosidase e fosfatase ácida e alcalina foram analisadas nesta pesquisa, utilizando quatro repetições de cada tratamento (totalizando 96 amostras). Todo o procedimento desta análise foi realizado no Laboratório de Solos e no Laboratório de Fisiologia Vegetal, ambos da Embrapa Agroindústria Tropical (CNPAT), no período de 26 de setembro a 16 de dezembro de 2021.

Todas as enzimas foram analisadas a partir de solo coletado e mantido sob refrigeração constante (aproximadamente 4 °C) desde a coleta no campo até a realização da análise no laboratório.

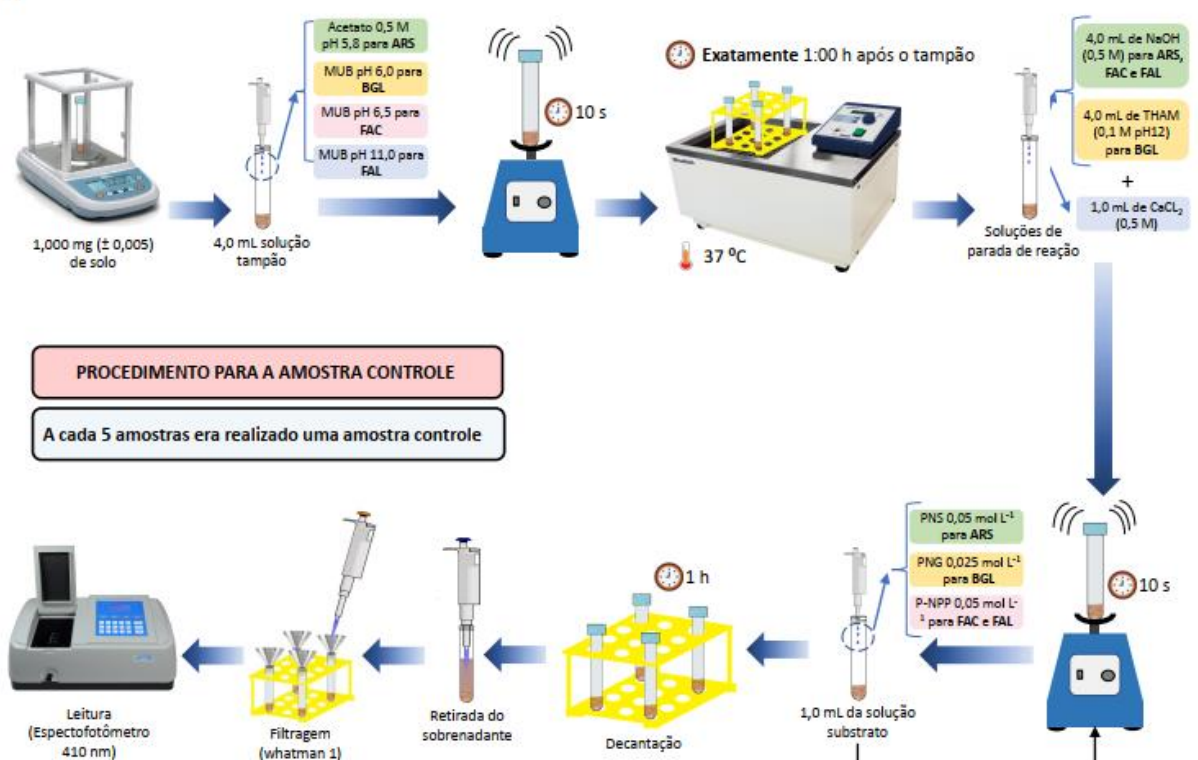
As análises enzimáticas seguiram o protocolo descrito por Tabatabai (1994), com algumas modificações (Figura 8). A principal delas foi a não utilização do tolueno, fato que vem sendo rotineiro em trabalhos recentes desenvolvidos na Embrapa (LOPES *et al.*, 2018; MENDES *et al.*, 2019, MENDES *et al.*, 2021). Outra modificação foi realizada especificamente na análise da β -glicosidase, o qual no lugar de utilizar o reagente PNG na concentração padrão de 0,05 mol L⁻¹, optou-se por utilizar na concentração de 0,025 mol L⁻¹. O uso desta concentração a meia força da padrão, vem sendo adotado em algumas pesquisas e tem seu viés na economia de reagentes (SANTOS *et al.*, 2019; PITTARELLO *et al.*, 2022; VENTURA, 2022).

Figura 8 – Esquema metodológico das análises das atividades enzimáticas β -glicosidase (BGL), arilsulfatase (ARS) e fosfatases ácida (FAC) e alcalina (FAL) do solo. (a) procedimento adotado para as amostras de solo e (b) para as amostras controle.

(a)



(b)



3.4.5.1 Curvas de calibração (CP)

Antes de iniciar propriamente as análises, foi realizada a curva de calibração (CP). A preparação desta curva foi toda realizada com pipetas volumétricas e “pera”, de forma a reduzir possíveis erros de medição com a pipetagem automática.

Cada ponto de concentração da CP foi realizado em triplicada. Para a arilsulfatase a CP teve 6 pontos de concentração 0, 10, 20, 30, 40 e 50 µg de p-nitrofenol. Já para enzimas β-glicosidase e as fosfatases (ácida e alcalina) a CP teve 11 pontos de concentração 0, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 e 100 µg de p-nitrofenol.

3.4.5.2 Quantificação da atividade enzimática

Para quantificar a atividade enzimática, primeiramente foi calculada a equação da reta da CP, conforme equação 18.

$$x = \frac{y-b}{a} \quad (18)$$

Onde:

x = concentração de PNF estimada da amostra analisada

y = absorvância registrada para a amostra analisada no espectrofotômetro ($\lambda = 410$ nm)

a, b = coeficientes angular e linear (respectivamente) da reta estimada pela CP.

O valor estimado de x para cada amostra foi multiplicado pelo fator de diluição, pelo volume da suspensão do solo (10,0 mL = 4,0 mL da solução tampão + 1,0 mL da solução substrato + 1,0 mL CaCl₂ e + 4,0 mL de NaOH) e dividido pela massa da amostra, encontrando o valor correspondente a concentração de PNF de cada amostra, conforme Equação 19.

$$C_{PNF} = \frac{x \cdot FD \cdot 10}{m_{solo}} \quad (19)$$

Onde:

C_{PNF} = concentração de PNF da amostra analisada, µg de PNF g⁻¹ de solo h⁻¹.

x = concentração de PNF estimada da amostra analisada

m_{solo} = massa do solo usada na análise (g)

A atividade enzimática foi mensurada conforme equação 20.

$$Atividade = C_{PNF (amostra)} - C_{PNF (branco)} \quad (20)$$

Onde:

Atividade = atividade da enzima, μg de PNF g^{-1} de solo h^{-1}

$C_{PNF (amostra)}$ = concentração de PNF da amostra analisada

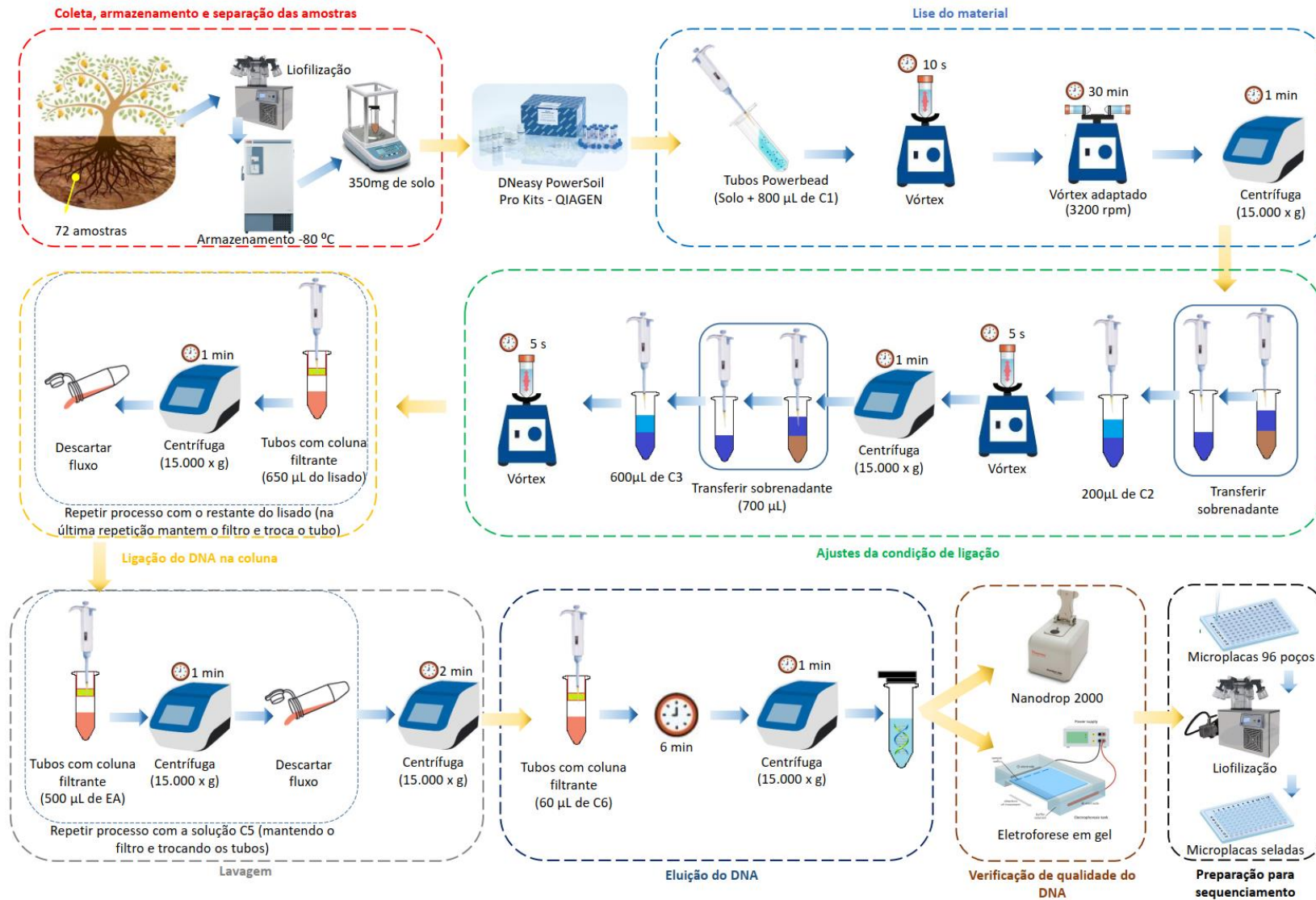
$C_{PNF (branco)}$ = concentração de PNF do branco

3.5 Extração e sequenciamento do DNA

A extração e a análise de sequenciamento do DNA foram realizadas em 72 amostras, o que consiste em todos os 24 tratamentos variantes (4 regiões x 2 períodos x (2 genótipos sem manejo - CCP 76 e comum + 1 genótipo com manejo - CCP 76) e três repetições de cada.

A extração do DNA foi realizada no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Agroindústria Tropical (CNPAT), no período de 14 de julho a 04 de agosto de 2021. Para extração do DNA, utilizou-se o kit de extração DNeasy[®] PowerSoil[®] Kit da Qiagen, conforme instruções do fabricante (Figura 9).

Figura 9 – Esquema metodológico da extração do DNA do solo.



Fonte: Autor.

A extração do DNA iniciou-se pela pesagem das amostras de solo e na sequência, as etapas de lise do material, ajustes da condição de ligação, ligação do DNA na coluna, lavagem e eluição do DNA, foram realizadas com adição de reagentes específicos e períodos de vórtex e centrifugação.

A qualidade do DNA obtido foi verificada previamente pela quantificação via fotométrica por leitura em Nanodrop 2000 (Thermo Scientific) e certificada por eletroforese em gel de agarose, adotando protocolos do próprio Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Agroindústria Tropical (CNPAT).

Finalizada a extração e realizada a verificação da qualidade do DNA, as amostras de DNA foram inseridas em uma microplaca de PCR com borda e 96 poços onde foram liofilizadas, seladas e enviadas para sequenciamento no Argonne National Lab Core Sequencing Facility, Estados Unidos da América.

Para o sequenciamento de DNA foi realizada a amplificação por PCR de genes 16S rRNA, na região hipervariável V4, utilizando o conjunto de primers 515F e 806R, conforme metodologia de Caporaso *et al.* (2012), com modificações específicas para a degeneração nos primers 515F (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3') como descrito em Parada *et al.* (2016) e no 806R (5'-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3') como descrito em Apprill *et al.* (2015). A amplificação das amostras ocorreu em termociclos de: 94 °C por 3 min, 94 °C por 45 s por 35 ciclos, sucedidos por 35 ciclos de 50 °C por 1 min e mais 35 ciclos de 72 °C durante 90 segundos, 72 °C durante 10 min e manutenção a 4° C. Os produtos de PCR foram purificados, emparelhados e sequenciados usando a plataforma MiSeq (Illumina®) seguindo o protocolo Earth Microbiome Project.

3.6 Análises estatísticas e de bioinformática

3.6.1 Análises de variância (ANOVA)

Foi realizada análise de variância (ANOVA) para os dados químicos (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicos (Ds, u, θ e θ_{cc}) e biológicos (C-BMS, RBS, qCO₂, qMic, ARS, BGL, FAL e FAC). Para tal, a homogeneidade e normalidade dos dados foram examinadas conforme testes de Levene e Shapiro-Wilks, respectivamente. Quando necessário, os dados foram transformados para $\sqrt{x + 1}$. Os atributos

significativos foram comparados pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). Em ambos os estudos o delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso (DBC) com esquema fatorial 4x2x2 (Estudo 1: 4 municípios, 2 tipos de cajueiros e 2 períodos; Estudo 2: 4 municípios, 2 condições de manejo e 2 períodos).

3.6.2 *Bioinformática para a qualidade das amostras sequenciadas*

Os dados oriundos do sequenciamento foram obtidos no formato ".fastq" em leituras diretas (forward) e reversas (reverse).

No processo de sequenciamento, uma das amostras, identificada como 79 (correspondente a uma das repetições da região de Beberibe, genótipo CCP 76, da estação seca e sem manejo), não pode ser sequenciada. No RStudio® (v2022.12.0+353) a qualidade de todas as amostras foi testada (Apêndice A). Amostras com baixo número de leituras (*reads* < 20.000) foram descartadas das análises, assim, mais quatro amostras foram descartadas sendo estas, as amostras identificadas como 45 e 47 (correspondentes a duas das repetições de Pacajus do genótipo comum da estação chuvosa sem manejo), bem como a 78 e 80 (correspondentes a duas das repetições da região de Beberibe, genótipo CCP 76, da estação seca e sem manejo). Desta forma, restaram do sequenciamento 43 amostras para o Estudo 1 e 45 amostras para o estudo 2.

Após o teste de qualidade inicial, as amostras foram filtradas, onde utilizou-se um corte (*truncLen* de 200, em ambas as leituras *forward* e *reverse*) de forma a manter o escore de qualidade (*Quality Score*) acima de 30 (Apêndice B). Os erros de alinhamento dos pares de base (pb) foram calculados, observando que a frequência de erros teve tendência de queda com o aumento do escore de qualidade (Apêndice C). As sequências *forward* e *reverse* foram mescladas para formar o amplicon alvo completo. Desta forma, uma matriz ASV (conhecida também como tabela de bioma) foi construída e sequências muito grandes ou muito pequenas foram retiradas das análises, mantendo as sequências de comprimento de maiores frequências (Apêndice D). Posteriormente calculou-se o número de quimeras e foram retiradas das análises, nos dados dessa pesquisa menos de 0,6% das sequências foram quiméricas.

Um número total de 3.843.091 sequências do gene 16S rRNA foi obtido em amostras de solo (aproximadamente 57.359 sequências por amostra). Após as sequências de filtragem, correção do erro e retirada das quimeras, obteve-se um total de 1.924.080 sequências de boa qualidade (aproximadamente 28.717 por amostra) (Apêndice E).

A taxonomia foi atribuída utilizando-se o banco de dados Silva v.138. Os pacotes R “dada2” v.1.16.0 e “decipher” v.2.26.0 foram usados no ambiente R 4.2.2. Foram eliminados dados errados referentes a "mitochondria" na família e "Chloroplast" na ordem.

3.6.3 Bioinformática e estatística aplicadas à rarefação das amostras e à análises de diversidades alfa e beta.

Para padronizar o tamanho das amostragens, foi realizado a rarefação, através do comando "rrarefy" do pacote "vegan".

Com as amostras rarefeitas, foi calculada a diversidade alfa (observada, Chao1, Shannon e Simpson) para cada região e realizado teste de Wilcox ($p < 0,05$) a fim de analisar diferenças entre a diversidade alfa de cada região. Nesta análise utilizou-se os comandos "plot_richness" e "stat_compare_means", junto com pacotes "ggplot2" e "phyloseq". Convém salientar que esta pesquisa teve por base da bioinformática a análise de ASV ao invés de OTU. Segundo Chiarello *et al.* (2022), para a análise de diversidade alfa a abordagem via ASV tende a ser mais precisa, enquanto via OTU costuma superestimá-la.

A diversidade beta foi analisada por componentes principais (PCA), através da logaritimização das contagens e posterior ordenação via PCA pelo comando "ordinate" do pacote "phyloseq". Além disso, foi calculada a PERMANOVA via comando adonis2 do pacote "vegan". A fim de destacar as diferenças entre as regiões, a diversidade beta foi plotada em "boxplot" a partir das distâncias de Bray-Curtis e os grupos testados com Wilcoxon ($p < 0,05$), utilizando os comandos "cal_betadiv" e "cal_group_distance_diff" do pacote "microeco". Por último, ainda foi gerado um dendrograma através do agrupamento hierárquico da matrix de distâncias euclidianas através do pacote "DESeq2".

3.6.4 Bioinformática e estatística aplicadas à composição taxonômica da comunidade microbiana

Diagramas de Venn foram elaborados para analisar o número de ASV em determinados grupos. Neste caso usou-se as abundâncias relativas das ASV sendo o resultado plotado pela função "venn", do pacote de mesmo nome.

Foi mensurada a abundância relativa dos taxa de quatro níveis taxonômicos (filó, classe, família e gênero). Em filó e classe foram identificados os que possuíam no mínimo 5%

de abundância em qualquer condição. Já para os níveis de família e gênero, a seleção se deu pelos 10 taxa de maior abundância. Em ambos os casos, os taxa menos abundantes do que as condições mencionadas foram agrupados como "outros". Nesta análise de bioinformática utilizou-se a função "trans_abund" do pacote "microeco". Testes estatísticos de Kruskal-Wallis (KW) e KW com post-hoc de Dunn (ambos com $p < 0,05$) foram aplicados para verificar a diferenciação estatística entre os taxa mais abundantes dentro de determinados grupos.

Uma análise linear discriminante (LDA) do tamanho do efeito (LEfSe) foi realizada para identificar e comparar a riqueza de ASV no microbioma do grupo de locais (Pacajus, Serra do Mel, Pio IX e Beberibe). O resultado dos grupos significativamente ($p < 0,05$) associados às amostras das regiões foram plotados na forma de cladograma e "barplot" dos escores de LDA (LDA > 4). Nesta etapa, utilizou-se a função "run_LEfSe" do pacote "LEfSe".

3.6.5 Bioinformática e estatística aplicadas às mudanças na estrutura da comunidade microbiana do solo

Para verificar a relação das variáveis químicas, físicas, biológicas e bioquímicas com as amostras agrupadas conforme locais, foi realizada uma análise de escalonamento multidimensional não métrico (NMDS), seguido de uma análise de coordenadas principais (PCoA) e uma análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe), essas duas últimas aplicadas a cada local para verificar a relação das variáveis ambientais com os genótipos e com as estações. Tanto nas análises de NMDS quanto nas de PCoA foi realizado o teste PERMANOVA com a função "Adonis2". Para a análise de PCoA a ordenação da matrix de distância se deu pela função "vegdist", já para análise de NMDS utilizou-se a função "metaMDS", ambas do pacote "vegan". As análises LEfSe utilizaram a função "trans_diff" com o método "LEfSe" do pacote "microeco".

3.6.6 Análise de espécies indicadoras

Os valores das espécies indicadoras (IndVal) foram calculados para cada gênero, sendo posteriormente também filtrado apenas para os gêneros com abundância maior que 2%. Nesta análise o valor calculado foi determinado pelo teste de Monte Carlo usando 9999 permutações, sendo considerada uma espécie indicadora aquela que apresentou $p < 0,05$ e IndVal > 0,3. Nesta análise utilizou-se por base a função "multipatt" do pacote "indicspecies".

3.6.7 Bioinformática e estatística aplicadas ao potencial funcional metabólico do solo

O potencial funcional metabólico do solo foi mensurado tomando por base o pacote "Tax4Fun". Primeiramente foi realizada uma análise LEfSe relacionando algumas funções com as áreas de coleta. Posteriormente foram gerados três *heatmaps* (mapas de calor) com base no coeficiente de Pearson, o primeiro relacionando a matriz de correlação das amostras com as predições das funções, o segundo relacionado as variáveis ambientais com os filos com mais de 5% de abundância e por último o mapa de calor que correlacionou as variáveis ambientais (físicas, químicas, biológicas e bioquímicas) com as principais funções que foram estimadas através do pacote "Tax4Fun". No caso dos *heatmaps* para cada variável foi testado aquelas consideradas mais representativas para a correlação, neste caso utilizou-se o teste de "*random forest*" (rf) com três grupos de significâncias ($p < 0,05$; $p < 0,01$; $p < 0,001$).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Estudo 1 - Influência dos genótipos de cajueiro sob o microbioma do solo

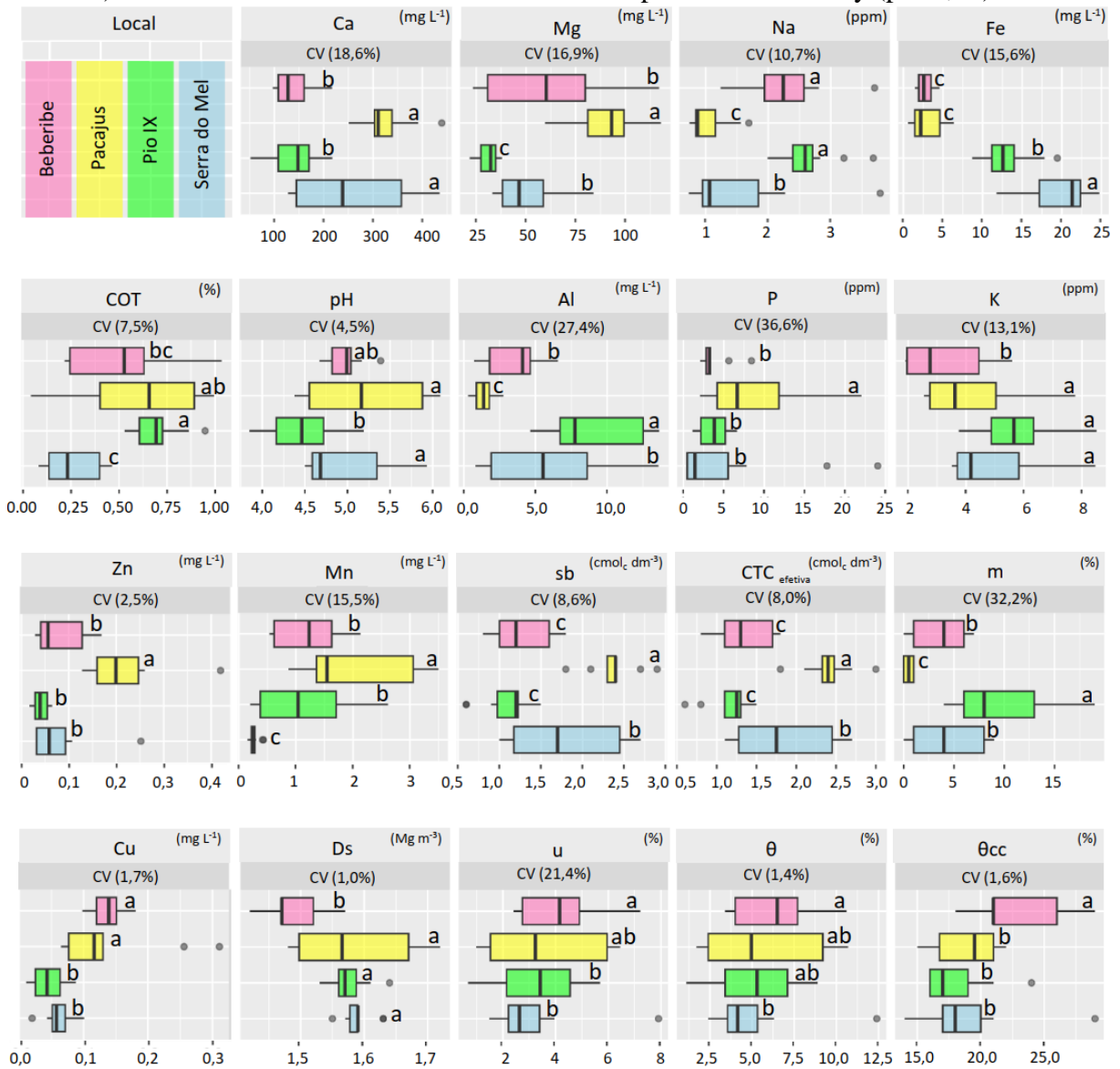
“Sabemos mais sobre o movimento dos corpos celestes do que sobre o solo sob os nossos pés”
(Leonardo da Vinci).

4.1.1 Atributos físicos, químicos e biológicos do solo

4.1.1.1 Atributos físicos e químicos do solo

Todas as variáveis físicas (u , θ , θ_{cc} e D_s) e químicas (COT, CTCefetiva, pH, m , s e teores de Ca, Mg, Na, Fe, Al, P, K, Zn, Mn e Cu) indicaram diferenciação entre os locais de coleta de solo (Figura 37). O solo de Pacajus apresentou os maiores teores de Mg ($89,4 \text{ mg L}^{-1}$), P (10,7 ppm), Zn ($0,2 \text{ mg L}^{-1}$), Mn ($1,9 \text{ mg L}^{-1}$), bem como maior soma de base (s) ($2,3 \text{ cmol}_c \text{ dm}^{-3}$) e CTCefetiva ($2,3 \text{ cmol}_c \text{ dm}^{-3}$), apresentando os menores teores de Al ($1,3 \text{ mg L}^{-1}$), Na (1,0 ppm) e m (0,6%). Por sua vez, o solo de Pio IX apresentou as menores médias para CTCefetiva ($1,1 \text{ cmol}_c \text{ dm}^{-3}$), soma de bases (s) ($1,1 \text{ cmol}_c \text{ dm}^{-3}$), pH (4,47) e teor de Mg ($31,0 \text{ mg L}^{-1}$), mas as maiores médias para o teor de Al ($9,3 \text{ mg L}^{-1}$) e a m (3,2%). Já em Beberibe o solo apresentou maior capacidade de campo (23,9%) e menor teor de K (2,8 ppm). O solo de Serra do Mel apresentou o menor teor de Mn ($0,25 \text{ mg L}^{-1}$) e de θ (4,7%), bem como o maior de Fe ($20,2 \text{ mg L}^{-1}$), superando os teores observados em Pio IX, Pacajus e o de Beberibe em 51,4%, 448,8% e 820%, respectivamente. As maiores concentrações de Ca foram as observadas nos solos de Pacajus e Serra do Mel (301,1 e $257,6 \text{ mg L}^{-1}$, respectivamente). Os solos de Pacajus e de Pio IX obtiveram a maior média de COT (0,6 e 0,7%, respectivamente), enquanto o de Serra do Mel obteve a menor (0,3%). As maiores concentrações de Cu foram encontradas nos solos de Pacajus ($0,12 \text{ mg L}^{-1}$) e de Beberibe ($0,15 \text{ mg L}^{-1}$) (Figura 10).

Figura 10 – ANOVA das variáveis físicas e químicas do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).



Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTC_{efetiva} = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo

Fonte: Autor

Embora não haja dados suficientes para a classificação pedológica do solo, foi possível neste estudo coletar amostras de solo da fazenda planalto as quais apresentaram pH entre 4,0 e 5,0, elevada saturação por alumínio e baixa soma de bases (Figura 10), características comuns de latossolo amarelo (JANSEN, 2022). Estudos anteriores na mesma propriedade

apontaram a predominância de latossolo amarelo álico (LAA) com $\text{pH} < 5,0$ (SERRANO, MELO E VIDAL NETO, 2017).

Por sua vez, Francelino, Fernandes Filho e Resende (2005) observaram que o solo predominante do assentamento Canto Comprido, em Serra do Mel, é classificado como latossolo vermelho amarelo (LVA). LVA é o solo com maior distribuição no Brasil, caracterizado por possuir fertilidade muito variável e elevados teores de goetita (conferindo a coloração amarela ao solo) e de hematita (que confere a coloração vermelha ao solo) (KER, 1997). Em nosso estudo, a coleta de solo em Serra do Mel ocorreu no mesmo assentamento mencionado anteriormente, onde foram observados o maior teor de Fe dentre as quatro regiões, bem como saturação por base mediana (Figura 10).

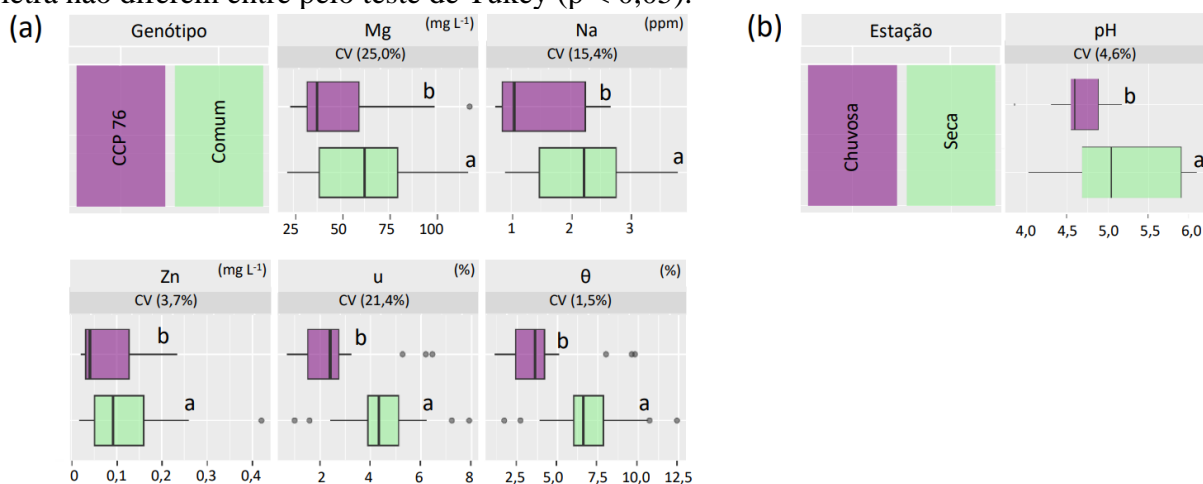
Em Beberibe, Ramos *et al.* (1997) relatam haver predominância de solo classificado como areia quartzosa (AQ), caracterizados por possuir densidade menor do que os latossolos e baixa fertilidade e retenção de umidade (SPERA *et al.*, 1999). Em nosso estudo, o solo coletado em Beberibe apresentou baixa densidade e baixa saturação por base. Contudo, contrário ao esperado, apresentou elevada umidade e capacidade de campo (Figura 10), o que pode estar relacionado a precipitações pluviométricas que ocorreram no dia da coleta do período considerado seco

No campo experimental de Pacajus, na Embrapa Agroindústria Tropical, Araújo (2015) relata a predominância de Argissolos Vermelho-Amarelos (AVA). Os AVA caracterizam-se pela presença de goetita e hematita (LIMA *et al.* 2008) e costumam apresentar baixa saturação por alumínio (LOSS *et al.*, 2009). Em nosso estudo, o solo coletado em Pacajus apresentou a menor saturação por alumínio dentre as quatro regiões analisadas, fato que pode estar relacionado aos valores mais elevados de pH (Figura 10).

Essas áreas foram escolhidas por serem regiões de produção comercial de caju e por estarem em diferentes condições edafoclimáticas, fatores que podem interferir na diversidade microbológica do solo (SCHREITER *et al.*, 2014). Além disso, sabe-se que a diversidade de micro-organismos do solo e suas interações são dependentes do clima (CLASSEN *et al.*, 2015, VRIES; SHADE, 2013), as áreas de análise possuem uma considerável gama de condições climáticas (AS, Aw' e BsW'h') (Tabela 3). E ainda, as regiões de coleta estão em um o gradiente de altitude crescente (Tabela 3), fato que pode influenciar diretamente na temperatura, composição e no armazenamento de C no solo e na biomassa microbiana (BU *et al.*, 2012).

Os teores de Mg, Na, Zn, u e θ foram maiores nas amostras de solo associadas ao genótipo comum do às da CCP 76 (Figura 11a).

Figura 11 – ANOVA das variáveis físicas e químicas de solo cultivado com cajueiros em função dos genótipos (CCP 76 e comum) (a) e das estações (chuvosa e seca) (b). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).



Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, pH = potencial hidrogeniônico, Zn = teor de zinco, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica

Fonte: Autor

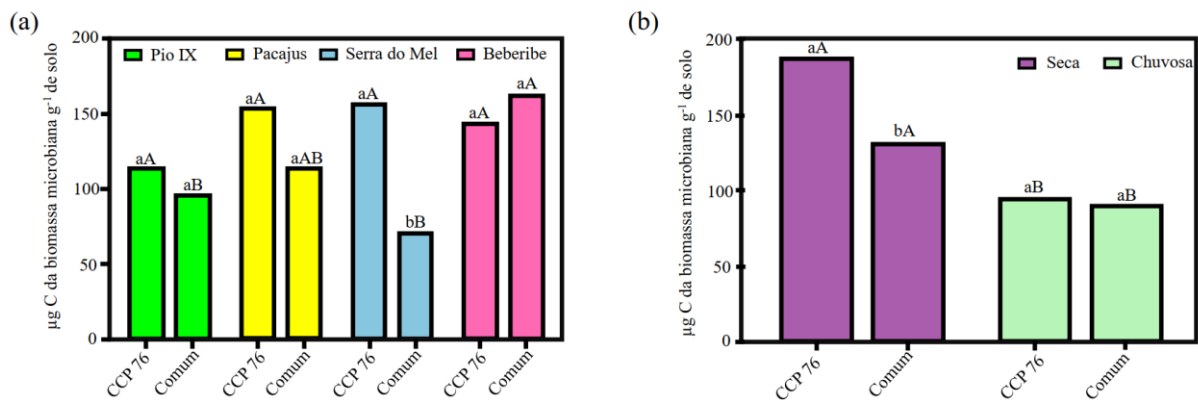
Neste estudo, o pH do solo foi maior na estação seca do que na chuvosa (Figura 11b), o que pode estar associado à acumulação de bases na estação seca e da lixiviação durante a estação chuvosa (BRANDÃO e LIMA, 2002). Esta mesma semelhança já foi observada em outros estudos com solos associados ao cultivo de pinus no cerrado mineiro e ao de sistemas agroflorestais amazônicos (BRANDÃO e LIMA, 2002; SILVA *et al.*, 2022). Entretanto, em solos de florestas da Amazônia central (FERREIRA *et al.*, 2001) e de sistemas agroflorestais (SILVA *et al.*, 2014) foi observado justamente o inverso.

4.1.1.2 Atributos biológicos do solo

O carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS) associado ao genótipo CCP 76 não apresentou diferenciação entre os locais, contudo para os solos relacionados ao genótipo comum foi significativamente maior em Beberibe e em Pacajus ($p < 0,05$). Dentro de cada região, somente os solos relacionados à Serra do Mel apresentou diferenciação entre os genótipos, sendo mais elevado no CCP 76 do que no comum (Figura 12a). Independente do

genótipo, solos coletados na estação seca apresentou maior C-BMS e dentro desta estação os solos relacionados ao genótipo CCP 76 superou os do comum (Figura 12b).

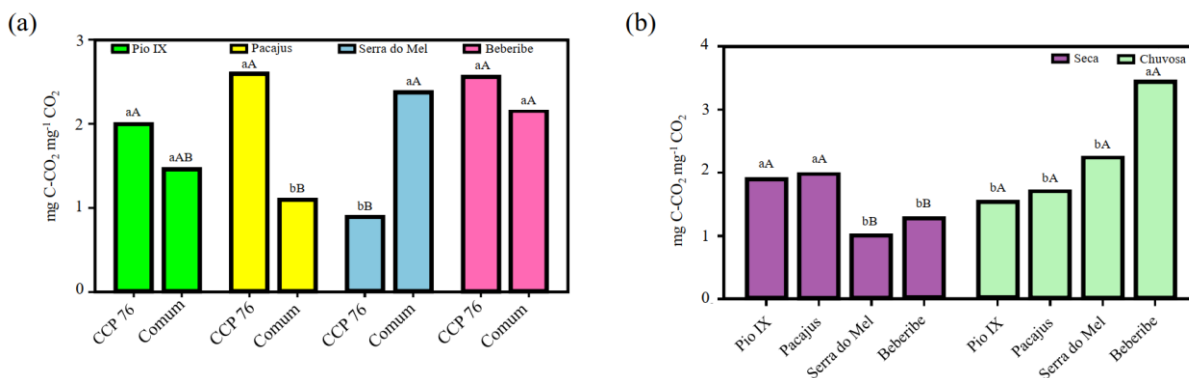
Figura 12 – Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS). (a) C-BMS em função dos locais (Pio IX, Pacajus, Serra do Mel e Beberibe) e dos genótipos (CCP 76 e comum). (b) C-BMS em função dos genótipos e das estações (seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada tratamento (local, em (a) ou estação, em (b)) e letras maiúsculas compararam os tratamentos (local, em (a) ou estação, em (b)) dentro de cada genótipo.



Fonte: Autor.

Já o quociente metabólico ($q\text{CO}_2$), solos relacionados ao genótipo CCP 76 em Serra do Mel apresentou menor média, enquanto solos de Pacajus apresentou a menor média para o genótipo comum (Figura 13a). A análise com base na estação chuvosa das amostras de solo de Serra do Mel e Beberibe superaram a estação seca destas localidades. Além disso, o $q\text{CO}_2$ das amostras de solo de Pio IX e de Pacajus na estação seca foi maior do que o de Serra do Mel e Beberibe na mesma estação. Não obstante, na estação chuvosa o maior valor de $q\text{CO}_2$ ocorreu em solos de Beberibe (Figura 13b).

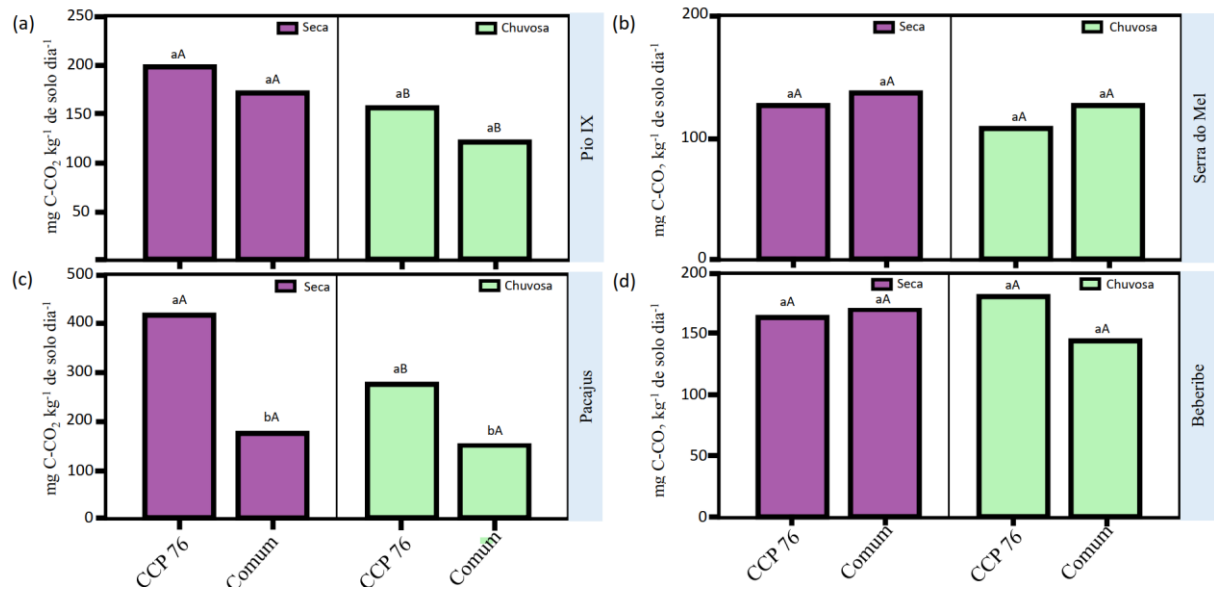
Figura 13 – Quociente metabólico (qCO_2). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). (a) qCO_2 em função dos locais (Pio IX, Serra do Mel, Pacajus e Beberibe) e dos genótipos (CCP 76 e comum). Letras minúsculas comparam os genótipos dentro de cada local e letras maiúsculas comparam o local dentro de cada genótipo. (b) qCO_2 em função dos locais e das estações (seca e chuvosa). Letras minúsculas comparam os locais dentro de cada estação e letras maiúsculas comparam a estação dentro de cada local.



Fonte: Autor.

A respiração basal do solo (RBS) não indicou diferenciação em Serra do Mel e em Beberibe, tanto em função da estação (seca e chuvosa), quanto do genótipo (CCP 76 e comum) (Figura 14b, d). Já para Pio IX, a RBS foi superior na estação seca, independente do genótipo, não apresentando diferenciações entre os genótipos dentro da mesma estação (Figura 14a). Todavia, solos de Pacajus, independente da estação, apresentou maior RBS com o genótipo CCP 76. Além disso, nesse local, para o genótipo CCP 76 a RBS na estação seca foi superior à chuvosa (Figura 14c).

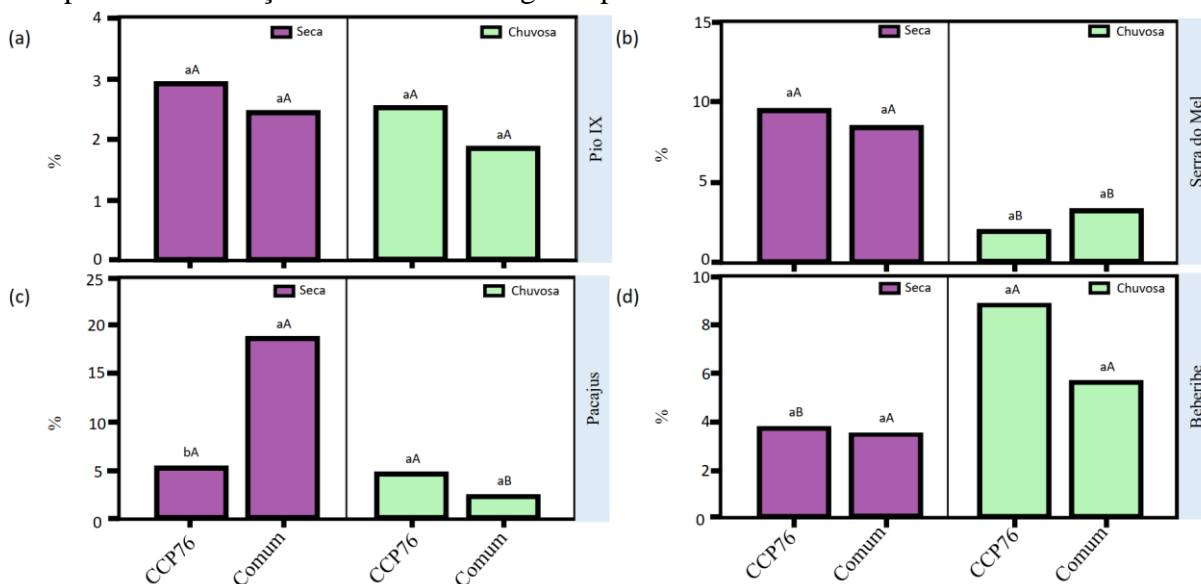
Figura 14 – Respiração basal do solo (RBS) em função dos genótipos (CCP 76 e comum) e da estação (seca e chuvosa), conforme locais. (a) em Pio IX, (b) em Serra do Mel, (c) em Pacajus e (d) em Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo.



Fonte: Autor.

O quociente microbiano (qMic) não apresentou diferenciação seja em nível de genótipo ou de estação dentro de solos da região de Pio IX (Figura 15a). Com relação ao genótipo, dentro de uma mesma estação, somente solos de Pacajus houve diferenciação, de forma que o qMic de solos associados ao genótipo comum foi superior ao da CCP 76 na estação seca (Figura 15c). Para esta mesma região, o qMic das amostras de solo do genótipo comum da estação seca foi superior ao da estação chuvosa, fato que também ocorreu para ambos os genótipos de Serra do Mel (Figura 15b, c). Contudo, a análise de solos relacionados genótipo CCP 76 em Beberibe apresentou comportamento contrário, de forma que o qMic da estação chuvosa superou o da seca (Figura 15d).

Figura 15 – Quociente microbiano (qMic) em função dos genótipos (CCP 76 e comum) e da estação (seca e chuvosa), conforme locais: Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo.



Fonte: Autor.

Os solos de Serra do Mel apresentaram elevado valor de C-BMS no genótipo CCP 76 (Figura 12a). Maiores valores de C-BMS podem estar correlacionados à imobilização temporária de nutrientes no solo, consequentemente ocasionando em menores perdas no sistema solo-planta (ROSCOE *et al.*, 2006). Observa-se ainda que nas amostras de solo relacionadas a cultivar CCP 76 em Serra do Mel houve baixo valor de qCO_2 (Figura 13a). O valor elevado de C-BMS associado com o baixo valor de qCO_2 podem inferir na maior eficiência da biomassa microbiana na utilização dos seus recursos ecossistêmicos, haja vista que uma menor perda de CO_2 pela respiração e um maior carbono adicionado a biomassa microbiana resulta em menores qCO_2 (CUNHA *et al.*, 2011). Em amostras de solo com valores equivalentes de biomassa, as que apresentarem menores taxas de respiração (qCO_2) podem ser consideradas mais eficientes (ANDERSON; DOMSCH, 1985). O C-BMS relacionado às amostras de solo da cultivar CCP 76 para as quatro regiões foram equivalentes (Figura 12a), mas, para essa cultivar, as amostras de solo de Serra do Mel apresentaram menor qCO_2 , assim pode-se inferir que sua biomassa microbiana do solo é mais eficiente na utilização de seus recursos.

Além disso, os solos de Serra do Mel apresentaram o menor valor de COT dentre as quatro regiões (Figura 10). Em solos associados a cultivar CCP 76 apresentaram valor elevado de C-BMS e na estação seca o qMic foi maior do que na estação chuvosa (Figuras 12 e 15b). Valores elevados de C-BMS e de qMic podem ser indícios de adição de matéria orgânica (MO) de qualidade ou término de uma condição de estresse (POWLSON; PROOKES; CHRISTESEN, 1987). Desta forma, considerando que nenhuma das amostras desse estudo eram manejadas antropicamente, pode-se inferir que o mais provável é ter ocorrido uma relação de estresse. Embora não se pode descartar que mesmo que não tenha sido realizado manejo antrópico, pode ter ocorrido incorporação de MO pelo próprio ecossistema, pela degradação da serrapilheira, por exemplo.

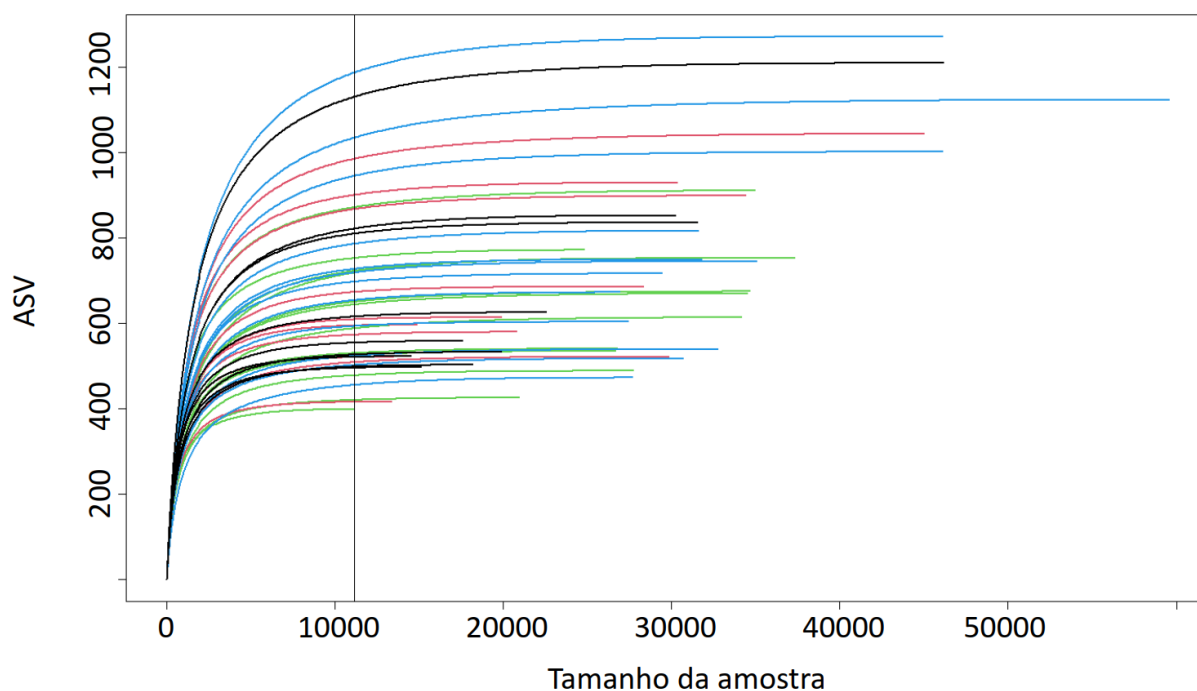
O solo associado ao genótipo comum de Pacajus apresentou valores elevados de C-BMS com baixo valor de qCO₂. Esta mesma semelhança foi observada em outros estudos com solos submetidos às sucessões de culturas trigo/soja e trigo/milho, preparado pelo sistema convencional e em plantio direto (BALOTA *et al.*, 1998). Valores baixos de qCO₂ indicam que mais C é incorporado ao solo e menos é liberado como CO₂ (LIU *et al.*, 2022), fato que justifica o baixo valor para a RBS nesse solo na estação chuvosa, além de baixo valor de qMic, o que pode indicar menor disponibilidade de matéria orgânica para os micro-organismos (FEKETEOVÁ *et al.*, 2021). Fato que pode estar relacionado ao menor valor de BGL encontrado no genótipo comum da estação chuvosa de Pacajus.

Espera-se que a COT e o C-BMS sejam diretamente proporcionais, expressando o potencial de decomposição da matéria orgânica do solo (MOS) (GAMA-RODRIGUES; GAMA-RODRIGUES; BARROS, 1997). Contudo, o solo associado a Pio IX apresentou elevado valor de COT (Figura 10), mas, no genótipo comum, o valor de C-BMS foi menor do que em Serra do Mel e Beberibe (Figura 12a), embora o valor de qCO₂ seja equivalente à estas regiões (Figura 13a). Altos valores de qCO₂ podem indicar baixa eficiência de crescimento ou condição de estresse biótico ou abiótico (MORALES *et al.*, 2016). Assim, no genótipo comum, o elevado valor de qCO₂ e baixo valor de C-BMS pode inferir que o sistema, mesmo com COT elevada, possui baixa eficiência para o crescimento, haja vista que o carbono não está sendo convertido em biomassa.

4.1.2 Rarefação e análise de diversidade microbiológica do solo

A curva de rarefação indicou haver uma diferença considerável no tamanho das amostras, o que elucidam que a saturação ocorreu de forma diversa, com algumas amostras saturando com aproximadamente 400 ASV, enquanto outras saturaram com quase 1200 ASV (Figura 16).

Figura 16 – Curvas de rarefação mostrando a profundidade de sequenciamento de solo com base no tamanho das amostras em função do número de ASV das 43 amostras sequenciadas do Estudo 1. A linha vertical indica a interpolação com base no menor tamanho de amostras (11.187).



Fonte: Autor.

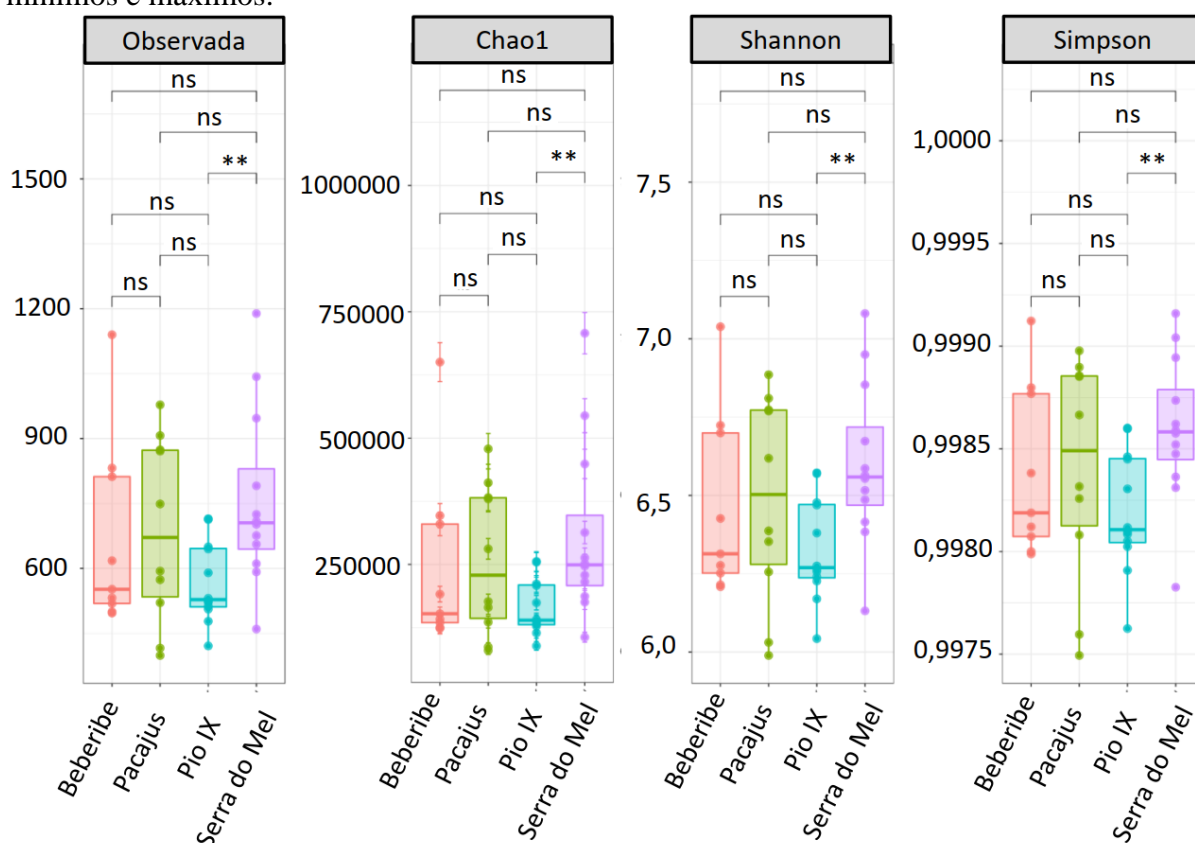
A partir da análise observou-se que a cobertura de sequenciamento foi suficiente para cobrir as espécies detectáveis, uma vez que todas as curvas atingiram o platô com número de seqüências maiores que 10.000. Salienta-se que não existe um número mínimo fixo para a adoção de seqüências para rarefação.

Neste trabalho, a rarefação foi essencial para homogeneizar o tamanho da amostra durante estudos ecológicos de diversidade e riqueza da microbiota do solo. Os dados obtidos

foram coerentes à adoção da rarefação com o menor número de sequências das amostras, haja vista que com 11.187 sequências as amostras já atingiram a saturação.

Analisando a diversidade alfa microbiana do solo em função do local de coleta observou-se que houve diferença entre as regiões em todos os índices analisados (Observada, Chao1, Shannon e Simpson) (Figura 17). A análise de diversidade alfa das amostras rareficadas indicou que o solo de Pio IX apresentou menores índices de diversidade alfa do que o solo de Serra do Mel, que apresentou índices de diversidades semelhantes aos de Beberibe e Pacajus (Figura 17).

Figura 17 – Diversidade alfa do microbioma associado ao solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). A faixa interquartil é representada pelos limites externos das caixas, a mediana é representada pela linha média e os valores amostrados são representados pelos círculos. As terminações das linhas verticais representam os valores mínimos e máximos.



ns – não significante; ** 1% de significância conforme teste de Wilcox
Fonte: Autor.

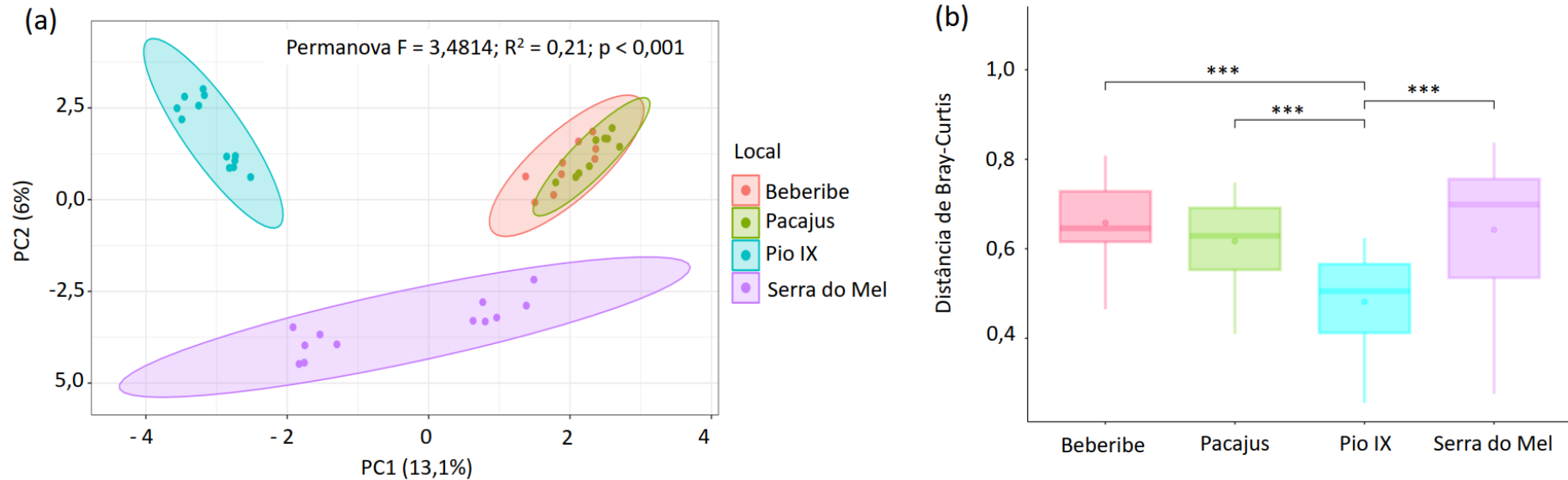
Contudo, a diversidade alfa microbiana do solo não diferiu com relação ao genótipo ou à estação. Embora a comunidade microbiana geralmente tenha grande influência sobre a comunidade vegetal, a diversidade alfa microbiana do solo nem sempre costuma ter forte

relação com a diversidade acima do solo (HEINTZ-BUSCHART *et al.* 2020), justificando o fato da diversidade alfa não ter diferido com o genótipo do cajueiro. Já com relação à estação, é provável que não tenha ocorrido diferenciação em virtude da distribuição de precipitação. Na região de Beberibe, por exemplo, houve precipitação pluviométrica durante a coleta de solo referente a estação seca e em volume até maior do que na estação chuvosa. Já em Pacajus, embora não tenha havido precipitação pluviométrica durante a coleta da estação seca, na estação chuvosa tivemos baixo volume pluviométrico, não havendo precipitação no dia da coleta. Em Serra do Mel e em Pio IX, tivemos precipitação pluviométrica (> 20 mm) na semana anterior a da coleta de solo na estação seca (Figuras I1, I2, I3 e I4).

A análise da diversidade beta microbiana do solo por meio da dispersão da matriz de distância euclidiana nos dois primeiros componentes principais explica quase 19,1% da variabilidade dos dados (13,1% da primeira componente e 6% da segunda componente) (Figura 18a). A análise Permanova indicou alta variabilidade entre os locais. Pela primeira componente principal é possível observar que a distribuição de Pio IX diverge da distribuição de Pacajus e Beberibe, pela segunda componente principal, observa-se também separação entre Serra do Mel e as demais regiões.

Com o objetivo de analisar quais dos locais de coleta possuem diferenciação na diversidade beta do solo, foi realizada a análise das distribuições das distâncias de Bray-Curtis para diferentes locais com base no teste de Wilcoxon. Foi constatado que a diversidade de Pio IX difere de todas as demais regiões (Figura 18b).

Figura 18 – Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Gráfico de dispersão dos dois primeiros componentes principais da análise de diversidade beta microbiana do solo, para abundância em nível de ASV, com base na distância euclidiana e análise Permanova entre os locais de coleta; (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis com teste de Wilcoxon entre os locais.



*** 0,1% de significância conforme teste de Wilcoxon

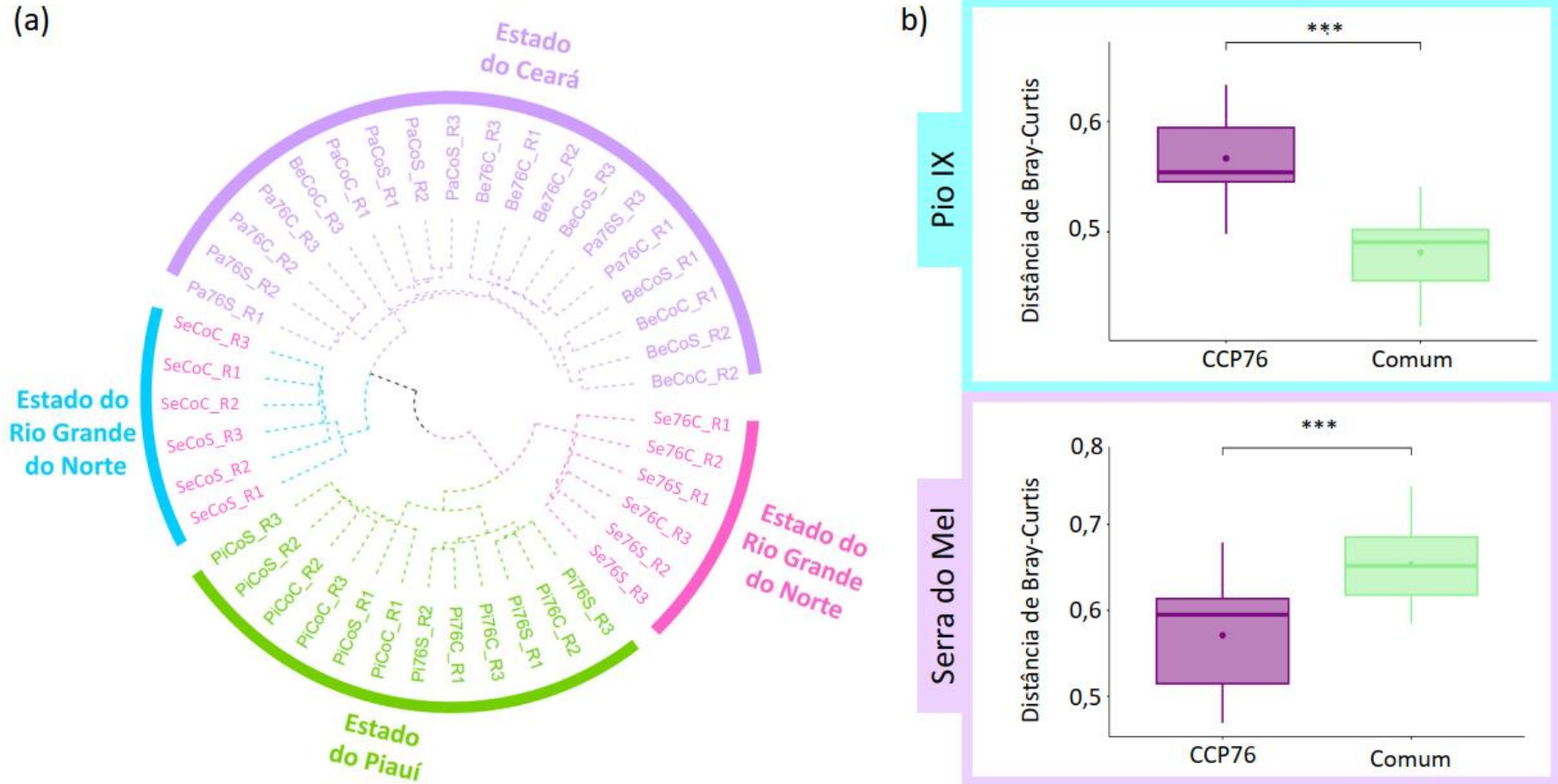
Fonte: Autor.

Por meio do dendrograma de agrupamento por matriz de similaridade euclidiana, pode-se observar que a diversidade beta do solo associado a Pio IX (Piauí) fica em outro grupo, quando comparado com o de Beberibe e Pacajus (Ceará). Já o solo de Serra do Mel (Rio Grande do Norte) se comporta de maneira peculiar, de forma que a diversidade beta referente ao genótipo comum apresentou maior similaridade com a do solo de Beberibe e Pacajus, enquanto a diversidade beta associada a cultivar CCP 76 teve maior proximidade dendrológica com a diversidade beta da microbiota do solo de Pio IX. Observa-se ainda que a diversidade beta das amostras proveniente de Pio IX também parece formar dois grupos distintos, um para cada genótipo (Figura 19a), fato confirmado pelo teste de Wilcoxon aplicado aos genótipos dentro desses locais de coleta (Figura 19b).

Analisando a variável genótipo dentro de Pio IX e Serra do Mel pelo teste de Wilcoxon, observou-se que a diversidade beta associada a CCP 76 difere da comum nestas localidades, com a diversidade de Pio IX sendo maior nas amostras de solo associadas à CCP 76 e a de Serra do Mel nas amostras de solo do genótipo comum (Figura 19b). A comunidade microbiana do solo pode ser afetada pelos genótipos de plantas (RASCHE *et al.*, 2006; ROBIN *et al.*, 2006; MARQUES *et al.*, 2014). Estudos relatam alterações na comunidade microbiana em virtude de cultivares de batata (INCEOGLU *et al.*, 2011), soja (MENDES *et al.*, 2014), milho (PEIFFER *et al.*, 2013) e arroz (EDWARDS *et al.*, 2015).

Entretanto, nenhuma diferença na diversidade beta foi observada nos solos em função das estações, independente dos locais de coleta.

Figura 19 – Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Dendrograma de matriz de similaridade euclidiana, destacando os estados respectivos aos locais de coleta. (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis para diferentes locais com teste de Wilcoxon entre genótipos.



Nomeclatura das amostras: XxYyK_Rz, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Genótipo do cajueiro (Co = comum e 76 = CCP 76); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa); Rz = Repetição amostral (z = 1 a 3, para repetições 1 a 3, respectivamente)

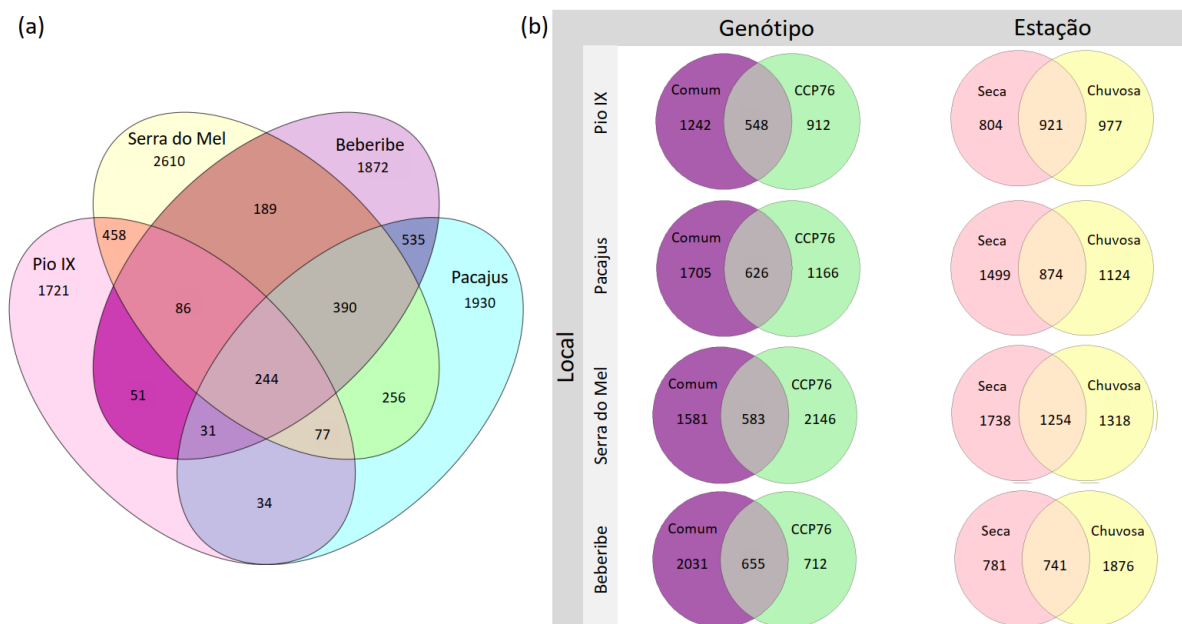
Fonte: Autor.

4.1.3 Composição taxonômica da comunidade microbiana

Foram geradas um total de 2,47 milhões de sequências, dentre as quais, após a filtragem da qualidade e retirada de quimeras, restaram aproximadamente 1,24 milhões. As AVS identificadas foram relacionadas a taxa referentes a 41 filis, 103 classes, 220 ordens, 287 famílias e 538 gêneros bacterianos. Também foram identificados micro-organismos do domínio Archaea, os quais constituíram de 6 filis, 9 classes, 12 ordens, 10 famílias e 10 gêneros.

Nas amostras de solo coletadas, foram observados um total de 10.484 ASV. Dessas, a maior riqueza (número de ASV) foi encontrada nas amostras relacionadas à Serra do Mel (4310), seguido das de Pacajus (3497), de Beberibe (3398) e de Pio IX (2702) (Figura 20a).

Figura 20 – Diagrama de Venn indicando a distribuição de ASV em amostras de solos de diferentes locais (Beberibe, Pacajus, Pio IX e Serra do Mel) (a) e entre amostras de solos associados aos genótipos (CCP 76 e comum) e estação (seca e chuvosa) dentro de cada local (b).



Fonte: Autor.

Com relação ao compartilhamento de ASV entre locais de coleta, as amostras de Pacajus e Beberibe compartilham o maior número (1200), sendo destas 535 ASV compartilhadas apenas entre esses dois locais. As amostras de Pio IX compartilham 865 ASV com as de Serra do Mel, o número é menor quando analisado o compartilhamento entre as amostras de Pio IX com Beberibe (412) e de Pio IX com Pacajus (386). Somente 244 ASV são

compartilhadas nos quatro locais de coleta simultaneamente, que é menos de 10% do total de ASV referente as amostras de qualquer um dos locais e menos de 3% do total de ASV (Figura 20a).

O baixo valor de ASV (244) encontrado no microbioma central das amostras em função dos locais de coleta pode ser indicativo de que o tipo de solo ou a localização geográfica pode estar afetando a composição do microbioma do solo. Variações na composição microbiana do solo podem ocorrer em virtude de diversos fatores, tais como tipo de solo (BHATTACHARYYA *et al.*, 2021), disponibilidade de nutrientes (GU *et al.*, 2019), pH (WANG *et al.* 2022) e uso do solo (MUÑOZ-ARENAS *et al.*, 2020).

As amostras de solo relacionadas à Serra do Mel apresentaram maior número de ASV (4310), com números elevados de compartilhamento com as amostras de Pio IX (865), de Beberibe (909) e de Pacajus (967), o que pode estar associado ao fato dessa região ter apresentado tanto proximidade, em termo de ordenação da dispersão dos componentes principais de diversidade beta, com as amostras de Pio IX (através da cultivar CCP 76) quanto com as amostras de Beberibe e de Pacajus (através do genótipo comum).

A pesquisa de Fierer e Jackson (2006) informa que a distância geográfica, bem como fatores que comumente afetam os macrossistemas vegetais e animais (como temperatura média anual e evapotranspiração potencial), pouco tem influência na diversidade bacteriana do solo. Já o estudo de Wang *et al.* (2015a) indicou que a diversidade microbiana do solo e a distância geográfica tem forte correlação negativa ($r = -0,773$, $p < 0,001$) e que os fatores geográficos explicam em 36,02% as variações na comunidade microbiana do solo. Todavia, esses mesmos autores relatam que as variáveis ambientais (aridez, fósforo total, pH, COT, relação C/N e altitude) juntos explicam cerca de 24% da variação do microbioma do solo.

No presente estudo houve relativa proximidade entre Beberibe e Pacajus (~ 45 km), bem como distância destas duas regiões à Pio IX (~ 560 e 485 km, respectivamente). Considerando que as amostras de solo de Pacajus e Beberibe tiveram diversidades alfa e beta semelhantes, mas diferentes das amostras de Pio IX, pode-se adotar a hipótese de que a biodiversidade microbiana é afetada por distâncias geográficas como verdadeira. Contudo, o dendrograma da Figura 19a, indicou que a diversidade microbiana do solo associada as amostras da cultivar CCP 76 de Serra do Mel tem maior proximidade da de Pio IX do que da de Pacajus e Beberibe, embora a distância geográfica de Serra do Mel para Pio IX (~ 596 km) seja bem maior do que para Pacajus (~ 231 km) ou Beberibe (~188 km), o que descartaria a

hipótese inicial. Desta forma, neste estudo, a distância geográfica parece afetar a microbiota, contudo não parece ser o único fator.

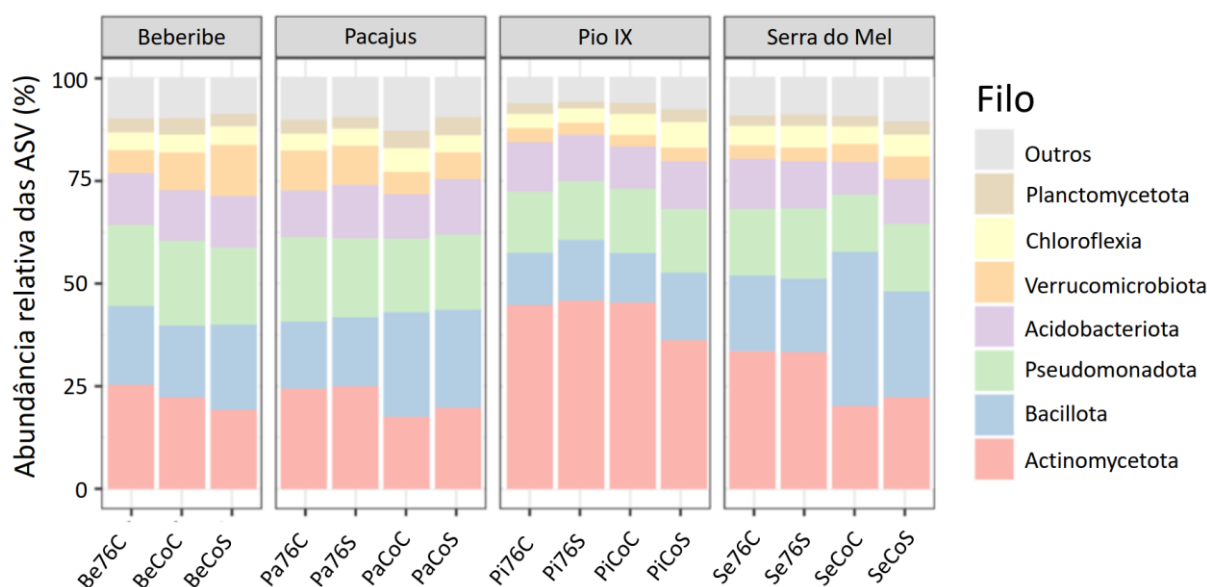
Analisando o total de ASV das amostras de solo em função dos genótipos, com exceção das amostras de Serra do Mel, todas as demais localidades as amostras relacionadas ao genótipo comum apresentaram maior número de ASV. O valor de ASV das amostras de solo compartilhadas entre os genótipos para cada local foi de 548 a 655 (Figura 20b).

Ao comparar as amostras de solo relacionadas as estações em função dos locais de coleta, o número de ASV das amostras de cada estação são próximos, com exceção das amostras de solo de Beberibe, o qual o número de ASV não compartilhadas da estação chuvosa (1876) foi mais de duas vezes maior do que o da estação seca (781). O número de ASV compartilhadas entre as estações foi de 741 nas amostras de solo referente a Beberibe a 1254, referente as amostras de solo de Serra do Mel (Figura 20b).

Dentro do grupo taxonômico de filo e classe foram selecionados apenas os que tiveram abundância maior que 5% em pelo menos um dos tratamentos. Assim, obtendo 7 filos (Actinomycetota, Bacillota, Verrucomicrobiota, Pseudomonadota, Acidobacteriota, Planctomycetota e Chloroflexia) e 9 classes (Bacilli, Actinomycetes, Thermoleophilia, Verrucomicrobiae, Alphaproteobacteria, Terriglobia, Gammaproteobacteria, Planctomycetia e Ktedonobacteria). Nestas análises os grupos com abundância menor que 5% em todos os tratamentos, foram agrupados como "outros".

Aproximadamente 84% do microbioma associado ao solo cultivados com cajueiros foram dominados pelos 7 filos: Actinomycetota, Bacillota, Pseudomonadota, Acidobacteriota, Verrucomicrobiota, Chloroflexia e Planctomycetota. Sendo os três primeiros, nessa ordem, os filos mais abundantes, responsáveis por cerca de 70% da abundância total (Figura 21). Diversos estudos têm relacionado esses 3 filos entre os mais abundantes em solos de regiões semiáridas (MHETE *et al.*, 2019; QI *et al.*, 2022; PENG *et al.*, 2022).

Figura 21 – Abundância relativa ao nível filo para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).



Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Genótipo de cajueiro (Co = comum e 76 = CCP 76); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

Fonte: Autor.

Actinomycetota é um dos principais filos bacterianos sendo constituídos de organismos gram-positivos com DNA de elevado teor de guanina + citosina (*GC-content*) (BARKA *et al.*, 2016). Possuindo 6 classes e 53 famílias (BORAH; HAZARIKA; THAKUR, 2022) este filo caracteriza-se por sua ampla diversidade morfológica e funcional, com representantes de ambientes terrestres ou aquáticos (BARKA *et al.*, 2016). No solo, são geralmente quimioheterotróficos (usam a matéria orgânica como fonte de energia e de carbono) e saprófitos (decompositores de substâncias orgânicas mortas), com algumas cepas adaptadas a solos ácidos (pH 3,5) (KIM *et al.*, 2003) e frequentemente considerados oligotróficos (baixa exigência nutricional) (YANG *et al.*, 2022b; HOU *et al.*, 2022; BAO *et al.*, 2021; LIPKO; BELYKH, 2021; LIU *et al.*, 2018). Alguns de seus gêneros como *Frankia*, *Streptomyces*, *Nocardia*, *Actinoplanes*, *Amycolatopsis*, *Micromonospora*, *Microbispora*, entre outros possuem espécies relatadas como promotoras de crescimento vegetal ou de biocontrole, sendo de grande potencial biotecnológico para compor bioinoculantes no solo (TRUJILLO *et al.*, 2015; BORAH; HAZARIKA; THAKUR, 2022).

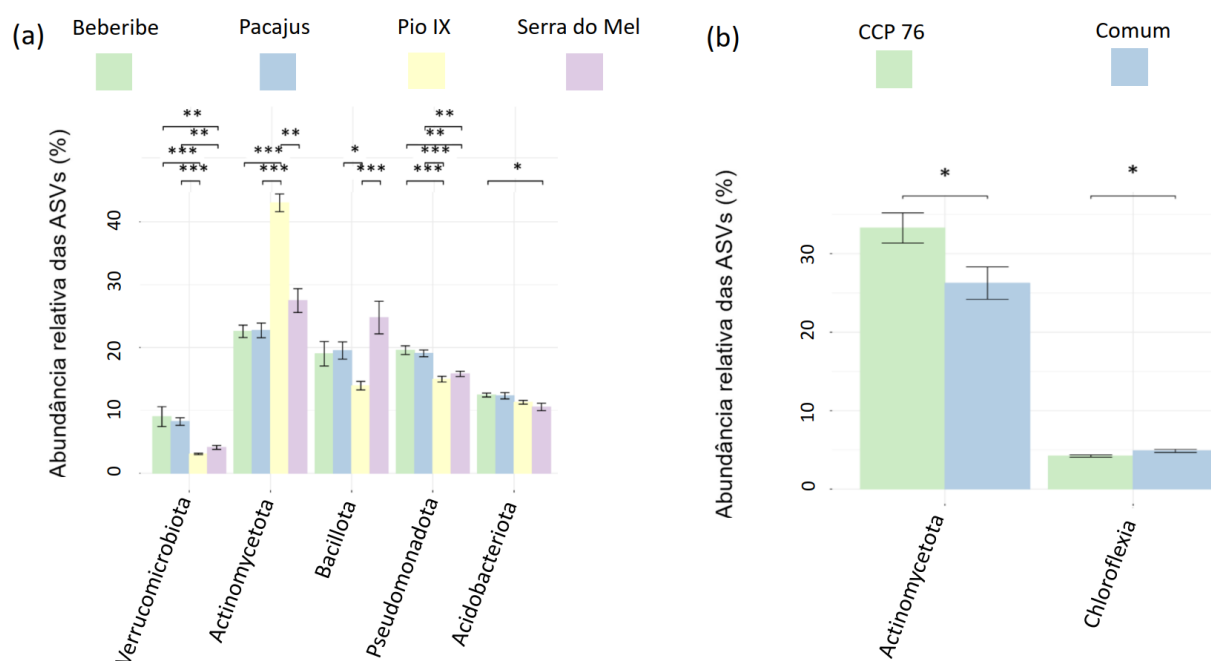
Assim como o Actinomycetota, o filo Bacillota é constituído, geralmente, de bactérias gram-positivas, contudo, possuem DNA com baixo *GC-content* (VAL-MORAES *et al.*, 2009). São caracterizadas por possuir metabolismo associado a homo (gerando ácido láctico) e a heterofermentação (gerando além de ácido láctico, outros produtos como ácido acético, etanol e CO₂), fazendo-as ter prevalência à ambientes de elevada quantidade de nutrientes disponíveis (MADIGAN *et al.*, 2016). Desta forma, frequentemente são caracterizadas como copiotróficas (altas exigências nutricionais) (YOU *et al.*, 2023; HOU *et al.*, 2022; PATHAN *et al.*, 2021). Alguns de seus gêneros como *Bacillus* e *Clostridium* são anaeróbicos facultativos e obrigatórios, respectivamente, conhecidos por sua patogenicidade a humanos e animais. Assim, algumas espécies como *B. popilliae*, *B. lentimorbus*, *B. larvae* e *B. thuringiensis* possuem grande importância e têm sido usadas no biocontrole de pragas (MOREIRA; SIQUEIRA, 2006).

Com 72 famílias, o filo Pseudomonadota é o maior e mais diverso do domínio Bacteria e contém a maior parte dos representantes gram-negativos de interesse agrícola (MOREIRA; SIQUEIRA, 2006). Tal filo é composto por cinco classes Alpha, Beta, Delta, Epsilon e Gammaproteobactéria funcionalmente distintas (POGGI; CHANDRA, 2014). As Alphaproteobactéria são frequentemente mutualistas de plantas ou patógenas às plantas e aos animais, desempenhando diversas estratégias metabólicas como fotossíntese, fixação de nitrogênio, oxidação de amônia e metilotropia (WILLIAMS; SOBRAL; DICKERMAN, 2007). Já as Betaproteobactérias são caracterizadas por serem quimioheterotróficas e quimioautotróficas, usando a matéria orgânica como fonte energética (GUPTA, 2000). Por sua vez, as Epsilonproteobactérias são quimioautotróficas (formam compostos orgânicos para seu metabolismo energético a partir de substâncias inorgânicas) e caracterizam-se pela patogenicidade à seres humanos, sendo responsáveis por gastrites e infecções alimentares (NAKAGAWA *et al.*, 2007). Por último têm as gamaproteobactérias que caracterizam por serem fermentativas facultativas (LEBOFFE; PIERCE, 2011), tendo, como um de seus gêneros as *Pseudomonas*, rizobactérias promotoras de crescimento com grande potencial para biorremediação (CASTRO; JONSSON; MAIA, 2009).

Ao nível de filo um padrão de semelhança foi observado entre as amostras relacionadas as localidades de Beberibe e de Pacajus (Figura 21). A análise estatística indicou que as amostras de solo dessas duas localidades a abundância dos filotaxons Verrucomicrobiota e Pseudomonadota superou a média de abundância apresentada pelas amostras de solo das

localidades de Pio IX e Serra do Mel. Em contrapartida, um padrão diferente foi observado para as amostras de Pio IX, as quais a média de abundância do filo Actinomycetota superou em cerca de 18% a média das demais localidades. A análise de abundância relativa indicou ainda que as amostras de Pio IX apresentaram menor abundância do filo Bacillota do que as amostras relativas as localidades de Serra do Mel e Pacajus (Figura 22a).

Figura 22 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível filo de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).



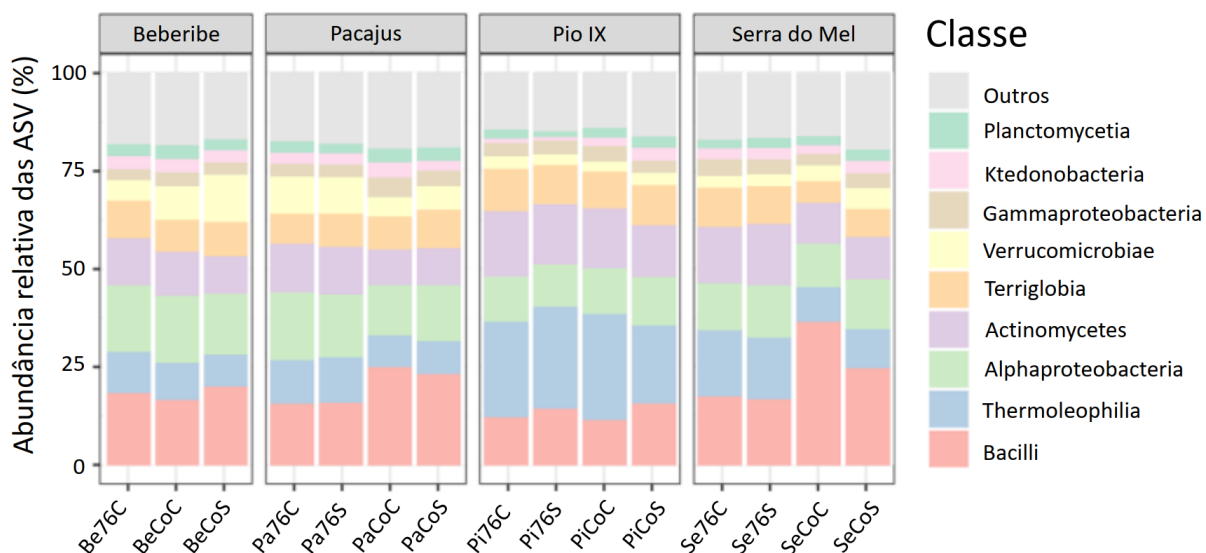
*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$

Fonte: Autor.

A análise com base nos genótipos indicou que as amostras de solo relacionadas a cultivar CCP 76 apresentaram maior média de abundância para o filo Actinomycetota e menor para o Chloroflexia do que as amostras relacionadas ao genótipo comum (Figura 22b).

Ao nível taxonômico de classe, observa-se que a abundância relativa para as amostras de solo relacionadas as localidades de Pacajus e Beberibe tendem a um padrão semelhante, contudo bastante divergente quando comparado aos das amostras de solo de Pio IX e Serra do Mel (Figura 23).

Figura 23 – Abundância relativa ao nível classe para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).

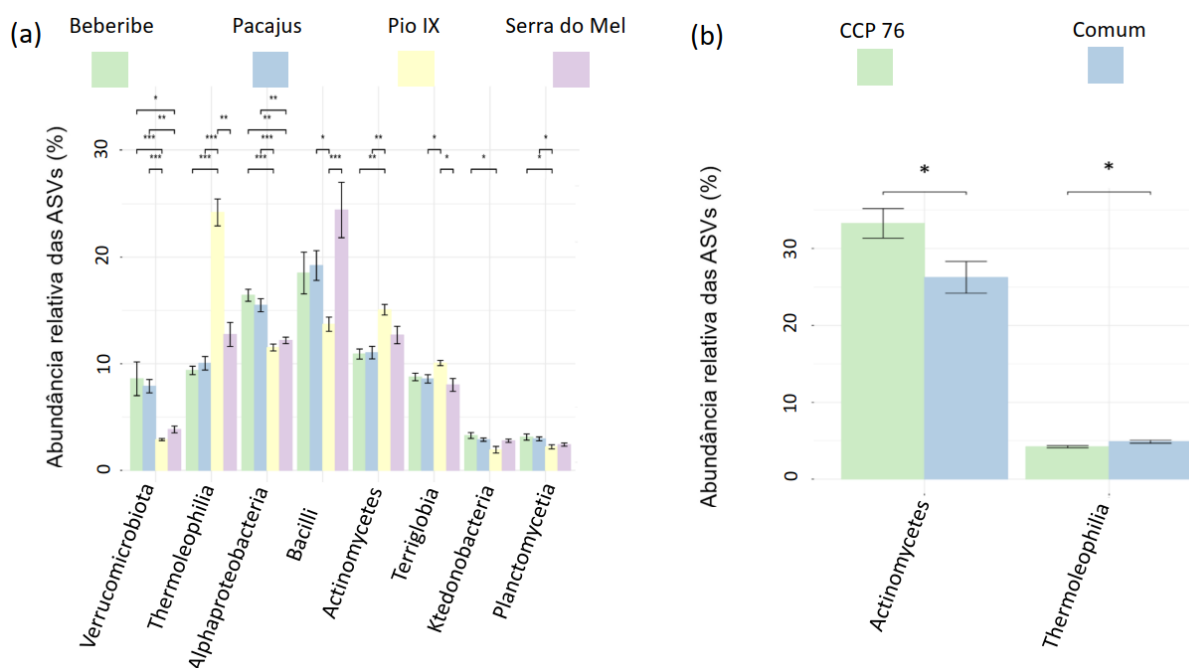


Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Genótipo do cajueiro (Co = comum e 76 = CCP 76); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

Fonte: Autor.

As classes Thermoleophila e Actinomycetes, ambas do filo Actinomycetota, foram, respectivamente, as mais abundantes nas amostras de solo de Pio IX (Figura 24a). A abundância da Thermoleophila foi maior nas amostras de Pio IX do que as demais localidades, já a abundância da Actinomycetes nas amostras de Pio IX superou a das de Beberibe e de Pacajus, mas foi igual a de Serra do Mel (Figura 24a).

Figura 24 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível classe de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).



*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$

Fonte: Autor.

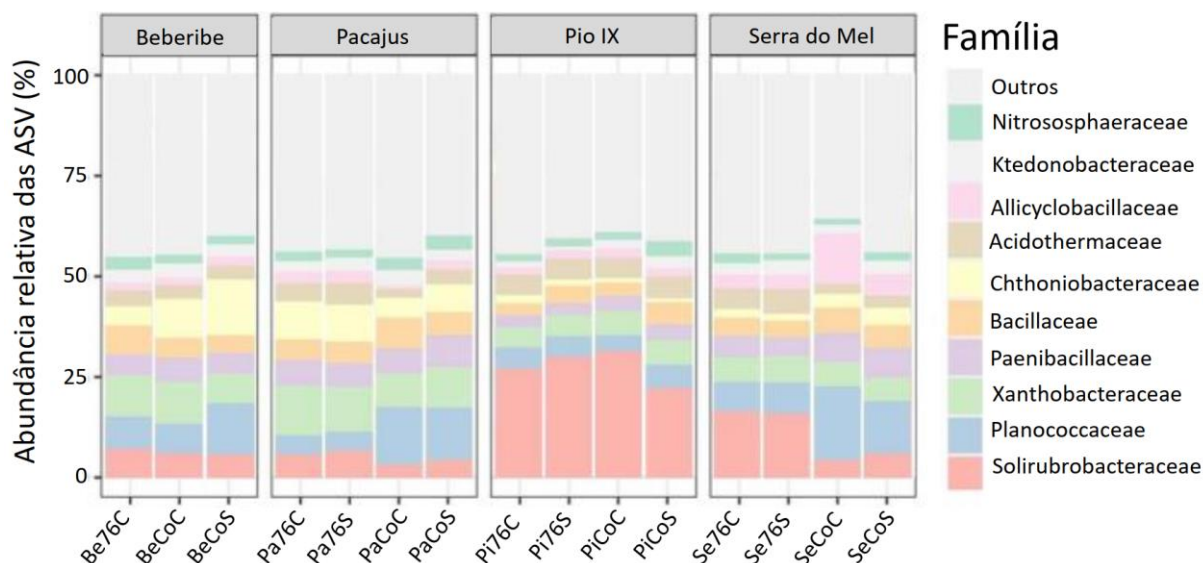
Em contrapartida, as classes Verrucomicrobiae e Alphaproteobacteria tiveram abundância maior nas amostras de solo de Beberibe e Pacajus do que nas de Pio IX e Serra do Mel. E ainda, a classe Planctomycetia foi mais abundante nas amostras de Serra do Mel e Beberibe do que nas de Pio IX. A classe Bacilli apresentou maior abundância nas amostras relacionadas a Serra do Mel (~ 24%). Para essa classe, as amostras de Pio IX tiveram abundância menor do que as de Serra do Mel e as de Pacajus (Figura 24a). Apenas duas classes, Actinomycetes e Themoleophila, indicaram diferença entre as amostras em função dos genótipos. Em ambas as classes a abundância foi maior nas amostras relacionadas a cultivar CCP 76 do que nas do genótipo comum (Figura 24b).

Com relação aos níveis de família e gênero, optou-se por selecionar os 10 mais abundantes de cada um desses grupos taxonômicos, sendo calculadas as abundâncias relativas a estes e agrupado os demais grupos como “outros”.

As 10 famílias mais abundantes, respectivamente Solirubrobacteraceae, Planococcaceae, Xanthobacteraceae, Paenibacillaceae, Bacillaceae, Chthoniobacteraceae, Acidothermaceae, Alicyclobacillaceae, Ktedonobacteraceae e Nitrososphaeraceae, respondem

a mais de 50% das ASV identificadas. E, assim como para filo e classe, as amostras de solo de Beberibe e Pacajus apresentaram semelhança do padrão de abundância, sendo este bem distinto do padrão apresentado nas amostras de Pio IX (Figura 25).

Figura 25 – Abundância relativa ao nível família para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).



Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Genótipo do cajueiro (Co = comum e 76 = CCP 76); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

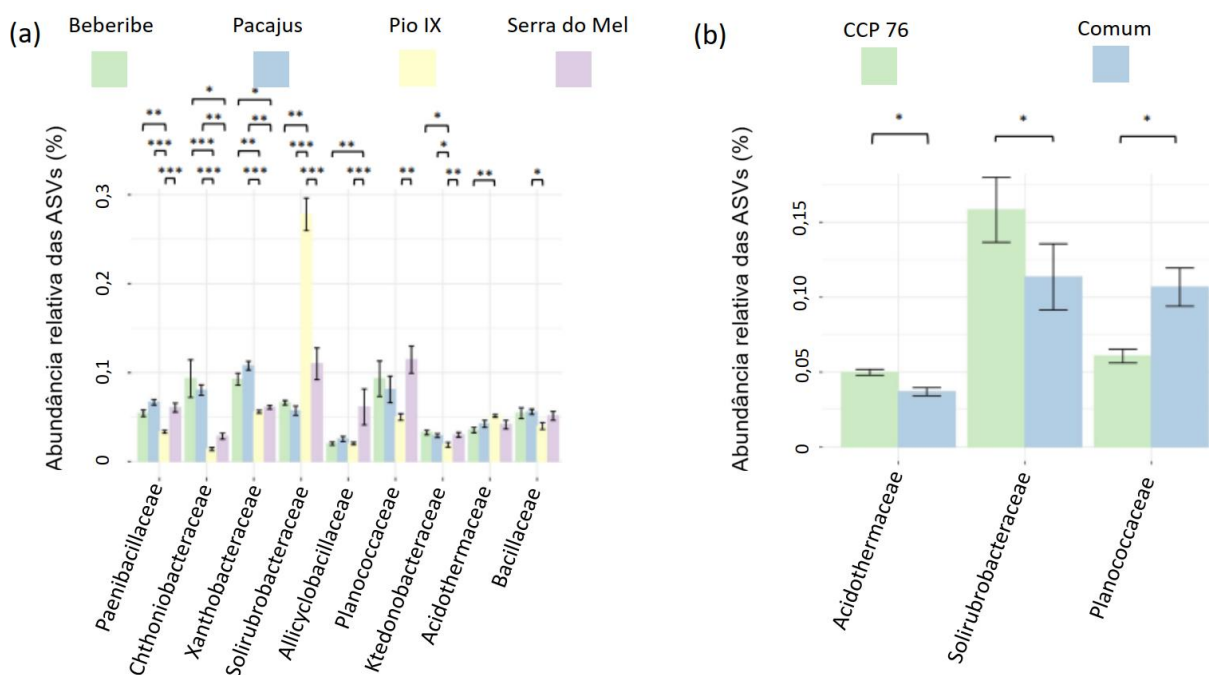
Fonte: Autor.

As amostras de solo de Serra do Mel também apresentaram padrões de abundância distintos das demais localidades, com adendo que os padrões referentes às amostras de solo associadas à cultivar CCP 76 diferiram do padrão de abundância apresentado para as amostras de solo associadas ao genótipo comum, como pode ser observado na família Solirubrobacteraceae que, nas amostras de solo de Serra do Mel, apresentou maior abundância nas amostras associadas à cultivar CCP 76 do que nas do genótipo comum, bem como a família Planococcaceae, cujo padrão de abundância demonstrou ser maior nas amostras associadas ao genótipo comum (Figura 25).

A abundância de 9 das 10 famílias mais abundantes neste estudo, indicaram diferenças entre os locais de coleta. Vale mencionar que uma das 10 famílias mais abundantes pertence ao filo Archaea (família Nitrososphaeraceae). Nas amostras de solo de Pio IX, destaca-se a família Solirubrobacteraceae (filo Actinomycetota) que teve abundância maior do que nas

localidades. O oposto do que foi observado para as abundâncias das famílias Ktedonobacteraceae (filo Chloroflexia) e Paenibacillaceae (filo Bacillota). As famílias mais abundantes nas amostras de solo de Beberibe e Pacajus foram a Chthoniobacteraceae e a Xanthobacteraceae, que juntas correspondem a quase 20% das famílias nesses locais, e cujas abundância em ambas as localidades superaram às das demais. Nas amostras de solo de Serra do Mel, as maiores abundâncias foram para as famílias Solirubrobacteraceae e Planococcaceae (Figura 26a).

Figura 26 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível família de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).



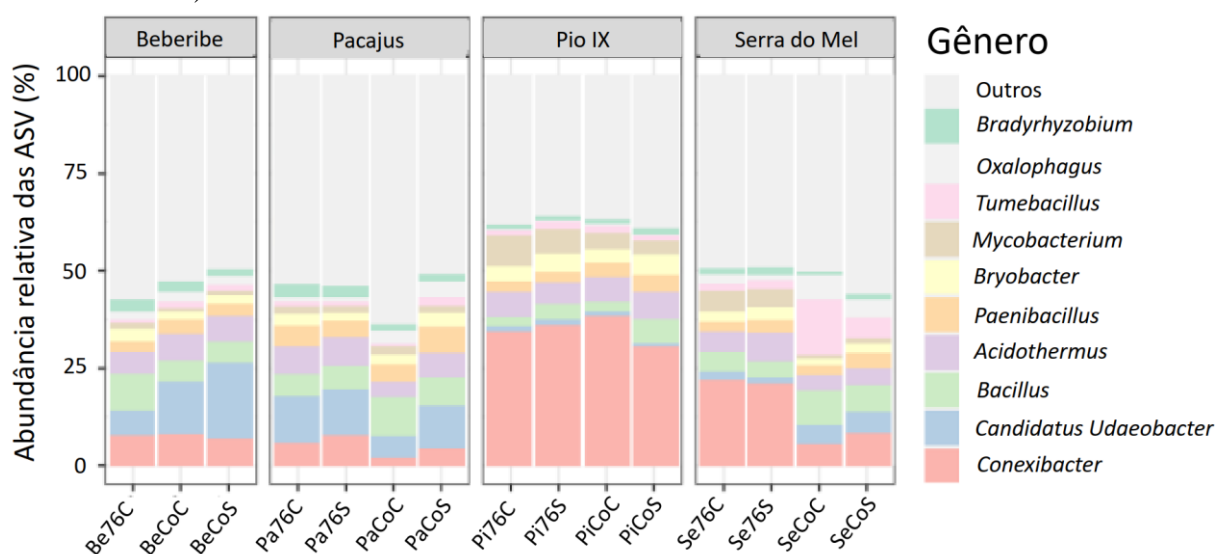
*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$

Fonte: Autor.

Já quando se analisa a abundância relativa das famílias em função do genótipo, três famílias ganham destaques. De forma que Acidothermaceae e Solirubrobacteraceae foram maiores no genótipo CCP 76 do que no comum. Fato oposto foi observado na família Planococcaceae (Figura 26b). Curiosamente, nos três casos o padrão de distribuição se assemelhou ao de Serra do Mel (Figura 25).

Dos mais de 500 gêneros bacterianos identificados nesse estudo, os 10 mais abundantes foram responsáveis por cerca de 50% da abundância total. Assim como ocorreu aos níveis de filo, classe e família, o perfil de abundância difere entre os locais de coleta, com certa similaridade entre as amostras de solo de Beberibe e Pacajus, mas bastante distinto das de Pio IX (Figura 27).

Figura 27 – Abundância relativa ao nível gênero para micro-organismos de solos na condição sem manejo, cultivados com cajueiros CCP 76 e comum, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).

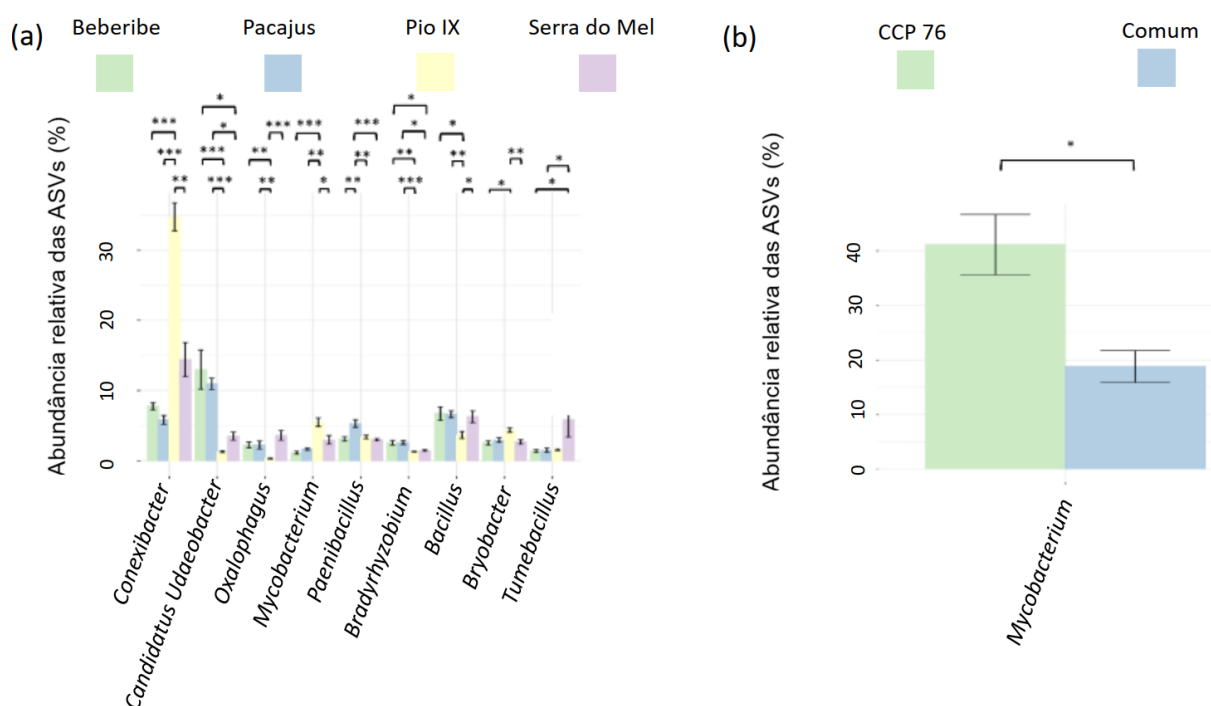


Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Genótipo do cajueiro (Co = comum e 76 = CCP 76); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

Fonte: Autor.

Nas amostras de solo de Pio IX, destacam-se os gêneros *Conexibacter* (filó Actinomycetota), que respondem a quase 20% da abundância dos demais, e o gênero *Mycobacterium*, cuja abundância nas amostras dessa localidade superou as das demais. Em contrapartida, nas amostras relacionadas a Pio IX, o gênero *Oxalophagus* teve abundância inferior às demais regiões (Figura 28a).

Figura 28 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível gênero de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) dos genótipos (comum e CCP 76).



*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$

Fonte: Autor.

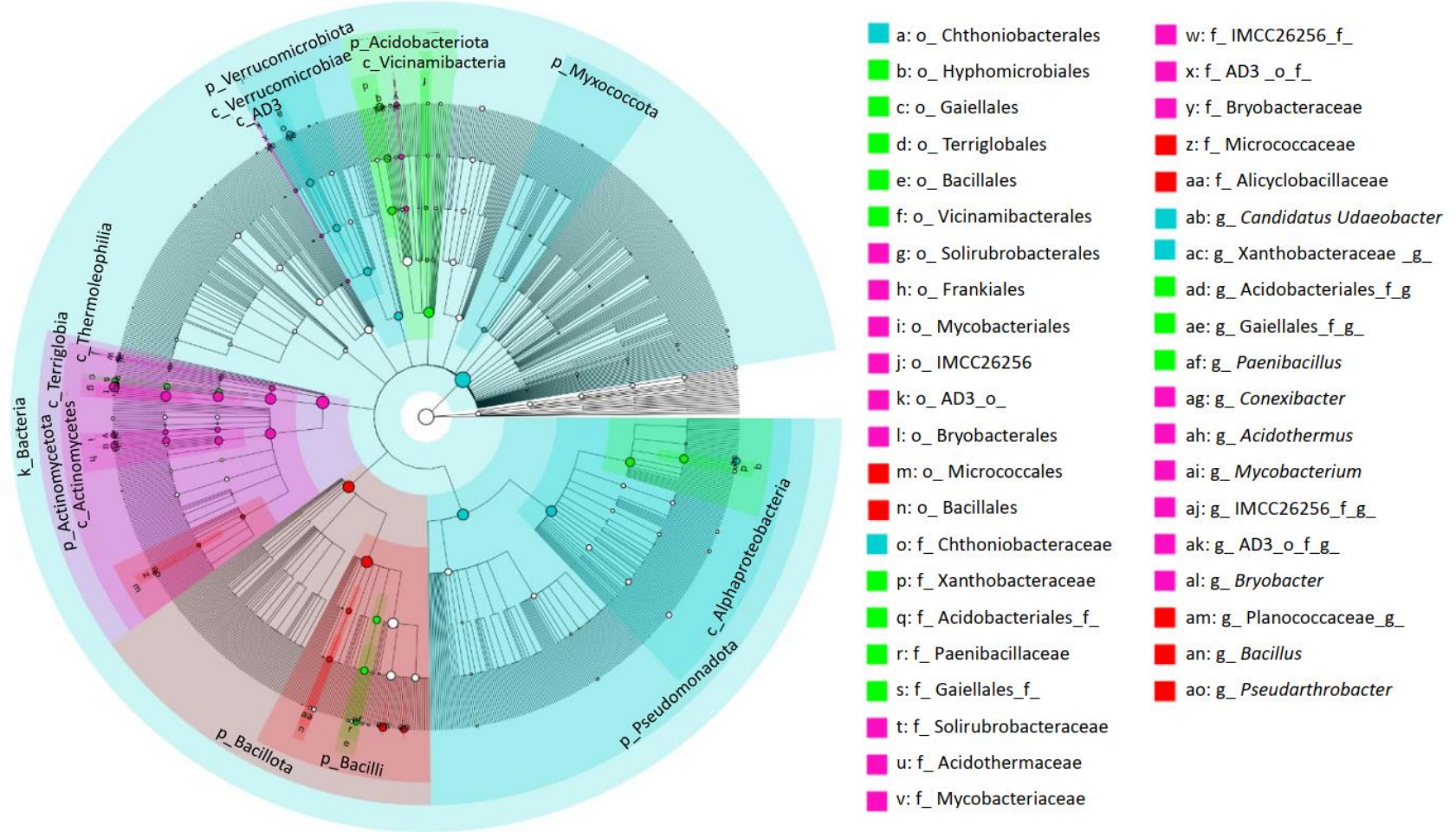
Nas amostras de solo de Serra do Mel a abundância do gênero *Tumebacillus* foi superior à das amostras de Beberibe e Pacajus. Nas amostras de solo de Beberibe e de Pacajus, a abundância do gênero *Candidatus Udaeobacter* foi superior à apresentada nas amostras de Serra do Mel e de Pio IX (Figura 28a).

Com relação as amostras de solo em função dos genótipos, apenas o *Mycobacterium* dentre os 10 gêneros mais abundantes teve diferenciação, cuja abundância foi maior nas amostras da cultivar CCP 76 (Figura 28b). Salienta-se que nenhum dos níveis de taxa, entre os mais abundantes tiveram diferenciação com as estações analisadas.

A análise linear discriminante (LDA) do tamanho do efeito (LEfSe) foi realizada para comparar a riqueza de ASV no microbioma dos diferentes locais, considerando a abundância relativa das taxa. Foram identificados grupos taxonômicos bacterianos associados às amostras de cada localidade. Os números de grupos associados às amostras de Pio IX foram maiores do que as amostras dos demais locais de coleta (Figura 29). O microbioma associado as amostras de Serra do Mel foi enriquecido por bactérias da classe Bacilli (Filo Bacillota),

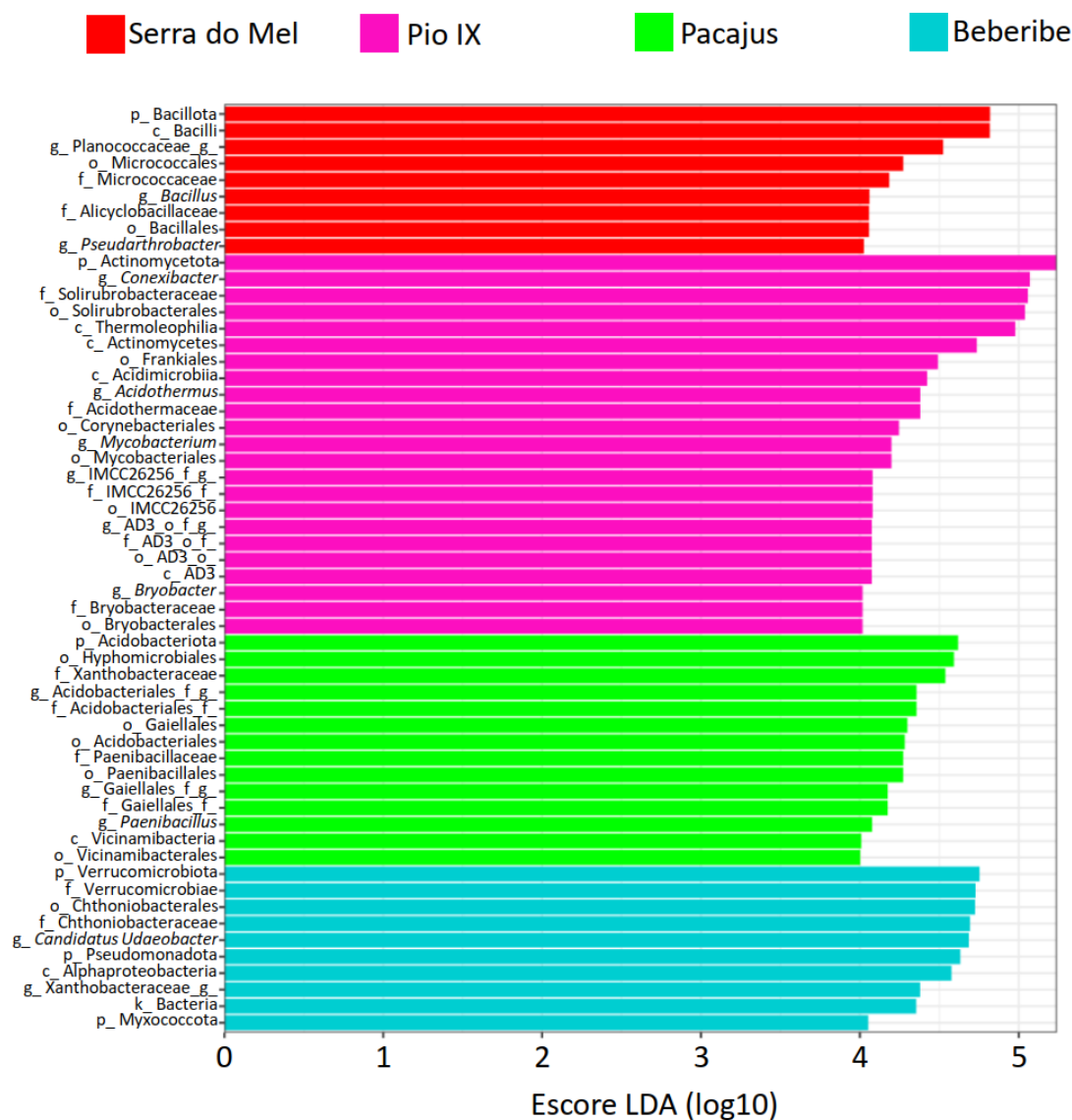
enquanto o das amostras de Pio IX foi enriquecido pela classe Actinomycetes (Filo Actinomycetota), nessa região um destaque também é o gênero *Conexibacter* (LDA > 5) (Figuras 29 e 30). Dentre os filos delimitadores da distinção do microbioma das amostras de Beberibe e Pacajus destacam-se Acidobacteriota (Pacajus) e Verrucomicrobiota, Pseudomonadota e Myxococcota (Beberibe) (Figura 29).

Figura 29 – Cladograma baseado em LEfSe de identificação de grupos taxonômicos microbianos de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) em função das regiões de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). Círculos concêntricos irradiando de dentro para fora representam níveis taxonômicos do reino para nível de gênero. Cada círculo fechado menor, nos diferentes níveis taxonômicos representa uma unidade taxonômica e o diâmetro do círculo é proporcional à abundância relativa da taxa.



Fonte: Autor.

Figura 30 –Pontuações LDA de grupos microbianos biomarcadores provenientes de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) e coletadas em 4 regiões (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). As pontuações de LDA são mostradas como barras horizontais para os micro-organismos biomarcadores com uma pontuação de LDA > 4.



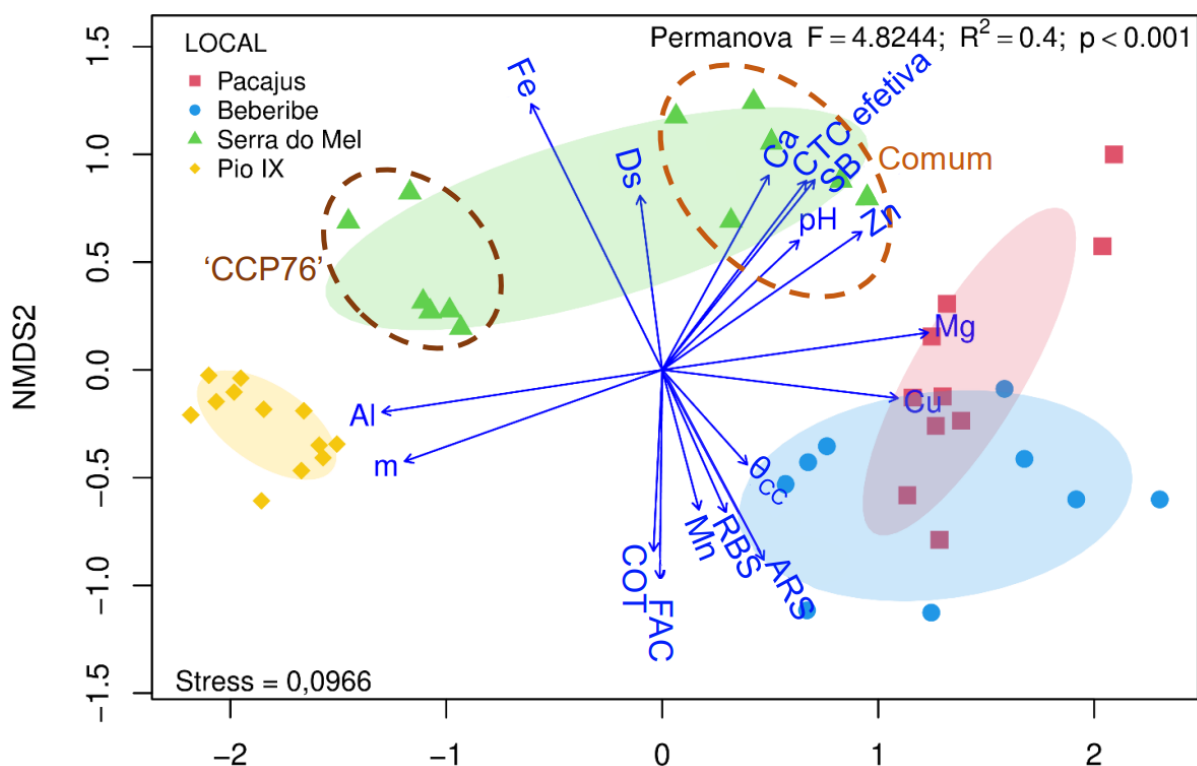
Fonte: Autor

O filo Actinomycetota foi mais abundante nas amostras de Pio IX. Entretanto, Bacillota, teve menor abundância nessa região do que nas amostras de Serra do Mel e de Pacajus. Enquanto Pseudomonadota foi mais abundante nas amostras de solo relacionadas à Pacajus e à Beberibe (Figura 22a). A análise LefSe confirmou os dados de abundância e indicou Actinomycetota, Bacillota e Pseudomonadota como sendo filios que representam as amostras de solo das regiões de Pio IX, Beberibe e Serra do Mel, respectivamente (Figuras 29 e 30).

4.1.4 Mudanças na estrutura da comunidade microbiana do solo

A NMDS indicou diferença ecológica entre as regiões, que foi constatada com a análise permutacional de variância (PERMANOVA) ($F = 4,8244$; $R^2 = 0,4$; $p < 0,001$) (Figura 31). O stress, métrica de ajuste dos dados, foi mensurado em 0,0966 e embora não deva ser considerável como métrica única, geralmente stress $< 0,1$ corresponde a uma boa ordenação (CLARKE, 1993).

Figura 31 – Escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) de comunidades microbianas de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As elipses com preenchimento e as cores representam o agrupamento com base nos locais. As elipses tracejadas indicam as amostras de solo relacionadas aos genótipos CCP 76 e comum de Serra do Mel. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos NMDS.



Al = teor de alumínio, Fe = teor de ferro, Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Cu = teor de cobre, Mn = teor de manganês, m = saturação por alumínio, SB = soma de bases, Ds = densidade do solo, CTCefetiva = capacidade de troca de cátions efetiva, pH = potencial hidrogeniônico, ARS = atividade da arilsulfatase, FAC = atividade da fosfatase ácida, RBS = respiração basal do solo, COT = carbono orgânico total do solo, θ_{cc} = capacidade de campo.

Fonte: Autor.

Assim, na NMDS, é possível visualizar três agrupamentos distintos. Onde o solo de Pio IX difere do solo de Pacajus e Beberibe, evidenciada pelo eixo NMDS1, bem como, o solo de Pio IX difere do de Serra do Mel, evidenciada pelo eixo NMDS2. É possível observar ainda que o solo relacionado a cultivar CCP 76 de Serra do Mel teve ordenação distinta a do solo associado ao genótipo comum em função do eixo NMDS1. Os autovetores da NMDS indicaram que diversas variáveis físicas, químicas, bioquímicas e biológicas são representativas desse escalonamento não métrico de forma influenciar na distinção da microbiota desses locais de coleta. Entre essas variáveis podemos citar: os teores de Al, Fe, Ca, Zn, Mg, Cu e Mn, a CTC efetiva, a soma de bases (SB), a capacidade de campo (θ_{CC}), o carbono orgânico total do solo (COT), a saturação por alumínio (m), a densidade do solo (Ds) e o pH, bem como as enzimas arilsulfatase (ARS) e fosfatase ácida (FAC) (Figura 31).

O teor de Fe e a Ds foram as variáveis com maior influência na distinção das amostras de Serra do Mel. Por sua vez, o solo relacionado à Pacajus teve influência principalmente dos teores de Cu e Mg, enquanto o de Beberibe apresentou ser maior influenciado pela capacidade de campo (θ_{CC}) e pela enzima arilsulfatase (ARS) (Figura 31).

A comunidade microbiana de Pio IX foi maior influenciada pelo teor de Al, bem como da saturação desse elemento (Figura 31). A ANOVA demonstrou que o teor de alumínio das amostras de de Pio IX supera, em média, em 598%, 77% e 69%, aos das amostras de solo de Pacajus, Beberibe e Serra do Mel, respectivamente (Figura 10). Taniguchi *et al.* (2018) citam o aumento no teor de Al afetando negativamente o desenvolvimento radicular de cajueiros anão CCP06. Araújo *et al.* (2020) relatam que em mudas de 'CCP 06', 'CCP 09' e 'CCP 76' o alumínio teve tendência de acúmulo nas raízes afetando o desenvolvimento vegetal, embora algumas espécies demonstrem maiores tolerâncias. No presente estudo, o NMDS indicou ainda que o autovetor do Al foi praticamente oposto ao do pH, o que é esperado haja vista que em solos mais ácidos o alumínio torna-se mais solúvel (BOJORQUEZ-QUINTAL *et al.*, 2017). Contudo a presença de micro-organismos do filo Actinomycetota pode atuar como mecanismos de biorremediação para aumentar a tolerância/resistência à metais, como o Al (PRESENTATO *et al.*, 2020).

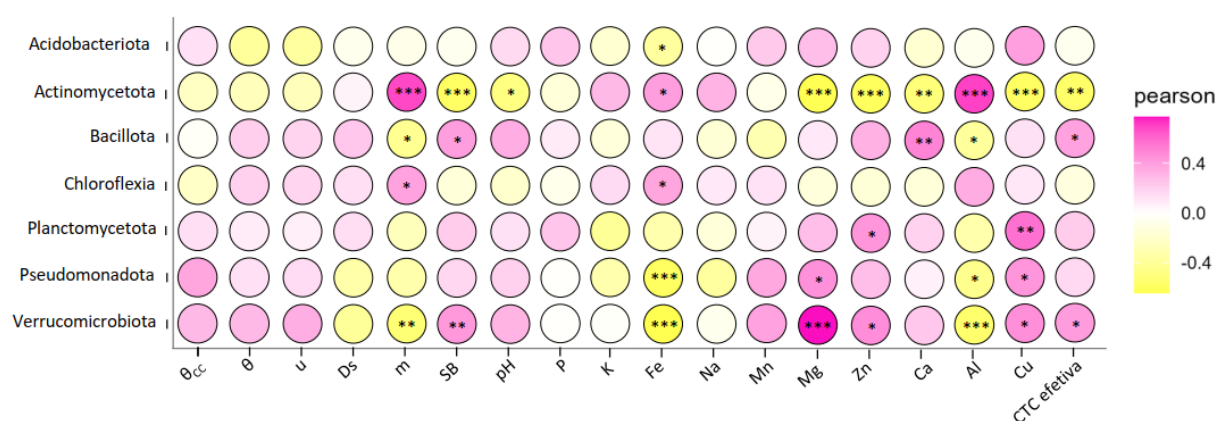
Devido à dificuldade de explicar por que alguns taxa são mais abundantes que outros no solo de determinadas localidades, os microbiologistas costumam dividir os micro-organismos em copiotróficos e em oligotróficos, conforme exigência nutricional (WANG; XIONG, 2022). O NMDS, juntamente com a ANOVA em função das variáveis físicas e

químicas, demonstram que as amostras de solo de Pio IX possuem menor soma de bases (SB) e menores teores de Ca, Zn, Mg e Cu, o que sugere menor fertilidade (Figuras 10 e 31).

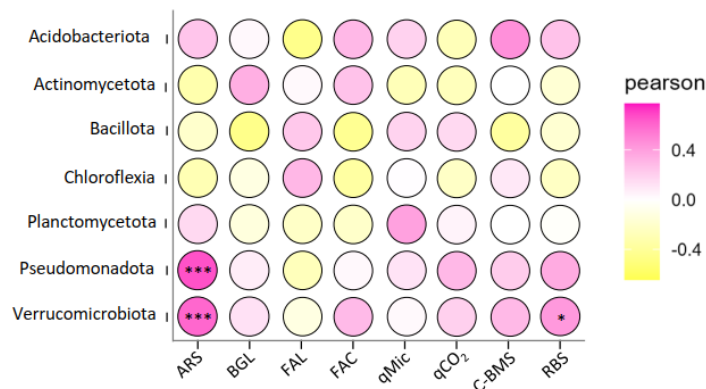
A partir da análise de correlação entre os filos mais abundantes (abundância > 5%) e as variáveis físicas, químicas, biológicas e bioquímicas observou-se que algumas destas variáveis tiveram forte correlação com o microbioma associado ao solo cultivado com cajueiros. A análise com base no teste não-paramétrico de árvore de decisão (*random forest - rf*) indicou que dentre as variáveis analisadas para o filo Actinomycetota, os teores de A), Fe, Mg, Zn, Ca e Cu, bem como o pH, a m, a CTC efetiva e a SB, foram as variáveis mais representativas (Figura 32).

Figura 32 – Relações correlacionais dos filios 5% mais abundantes em função das variáveis físicas, químicas, biológicas e bioquímicas das amostras de solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. O asterisco indica a significância do teste *random forest* (rf) para as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$).

(a)



(b)



Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo, FAL = atividade da fosfatase alcalina, FAC = atividade da fosfatase ácida, ARS = atividade da arilsulfatase, BGL = atividade da β -glicosidade, qCO_2 = quociente metabólico do solo, qMic = quociente microbiano do solo, RBS = respiração basal do solo, C-BMS = carbono da biomassa microbiana do solo.

Fonte: Autor.

Já o coeficiente de correlação de Pearson (r), indicou que o filo Actinomycetota foi fortemente relacionado ao teor de Al ($r = 0,70$) e à m ($r = 0,68$). Sendo também, embora em

menor intensidade afetado pelo teor de Fe ($r = 0,41$). Em contrapartida, esse filo está relacionado negativamente com a SB ($r = - 0,59$), com o pH ($r = - 0,49$), com a CTC efetiva ($r = - 0,57$) e com os teores de Mg ($r = - 0,64$), Zn ($r = - 0,61$), Ca ($r = - 0,52$) e Cu ($r = - 0,59$) (Figura 32a).

Interações microbianas no solo estão relacionadas com fertilidade do solo, degradação de produtos tóxicos e indução de metabólitos secundários da planta (KUMAR *et al.*, 2022b; CHAMKHI *et al.*, 2022). Neste estudo sugere-se que o filo Actinomycetota tenha preferência por ambientes oligotróficos, corroborando com diversos outros estudos (YANG *et al.*, 2022b; HOU *et al.*, 2022; BAO *et al.*, 2021; LIPKO; BELYKH, 2021; LIU *et al.*, 2018), sugerindo que a maior abundância do filo Actinomycetota nas amostras de solo de Pio IX (Figura 21) foi devido a preferência destes micro-organismos por ambientes oligotróficos, bem como pela maior afinidade com metais, como o Al.

Embora bactérias do filo Actinomycetota tenham apresentado correlação negativa com a ARS, bem como com o qMic e o qCO₂, esta correlação foi fraca ($r = - 0,32$; $- 0,28$; $-0,26$, respectivamente) e o rf não indicou essas variáveis como sendo representativas para este filo ($p > 0,05$) (Figura 32b).

Para o filo Acidobacteriota, o teor de Fe foi considerado representativo pelo teste rf, apresentando correlação negativa ($r = - 0,38$). Houve também uma correlação negativa, porém de fraca a moderada, para as variáveis u ($r = - 0,37$), θ ($r = - 0,40$) e FAL ($r = - 0,44$). Para este filo identificou-se uma moderada correlação com o teor de Cu ($r = 0,40$) e com o C-BMS ($r = 0,46$) (Figura 32a, b).

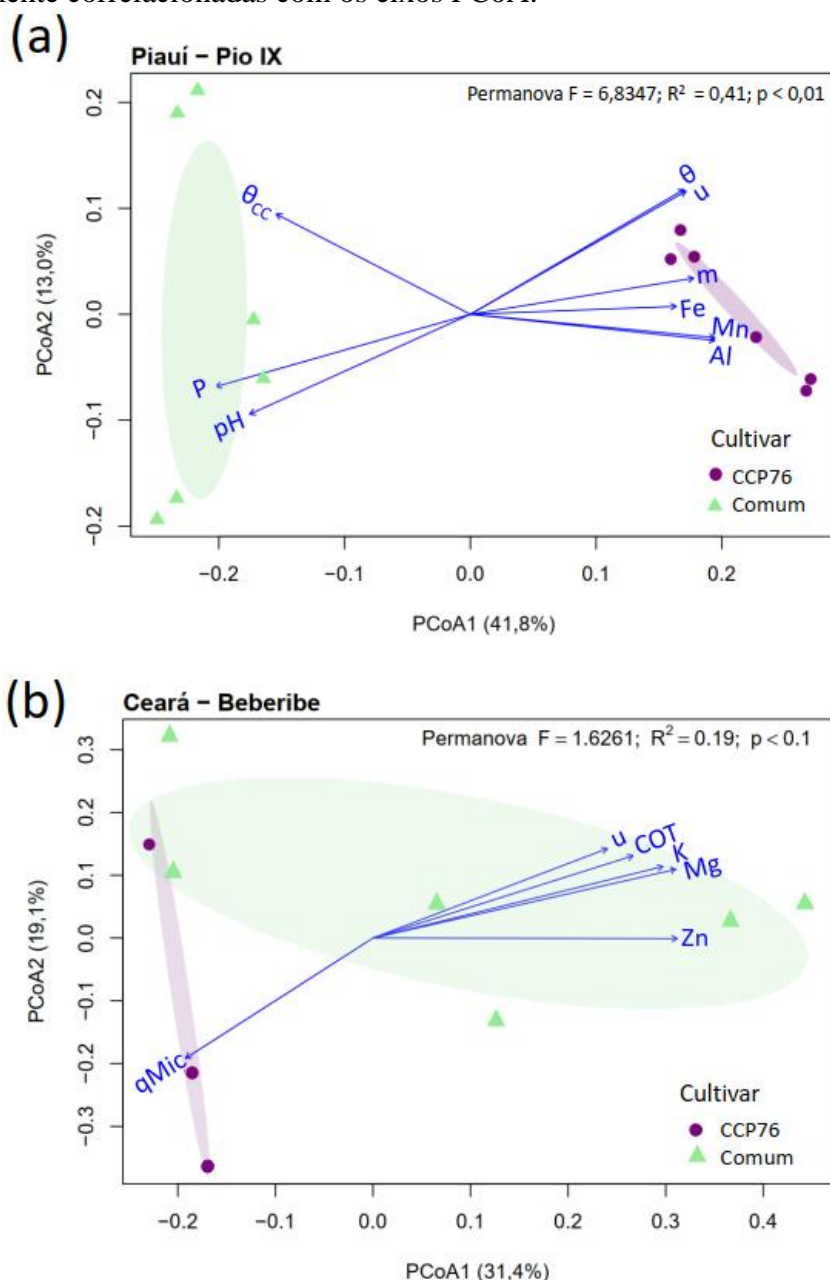
O filo Bacillota apresentou correlação com a CTC efetiva ($r = 0,38$), a SB ($r = 0,41$) e com o teor de Ca ($r = 0,49$), sendo negativamente correlacionado com a m ($r = - 0,43$) e com o teor Al ($r = - 0,39$) (Figura 32a, b).

Tanto as bactérias do filo Pseudomonadota, quanto Verrucomicrobiota apresentaram moderada a forte correlação negativa com o teor de Fe ($r = - 0,59$ e $- 0,65$, respectivamente), ao mesmo tempo em que possuem elevada correlação com a ARS ($r = 0,66$ e $0,60$, respectivamente). Vale ressaltar, que em ambos os filios, o teste rf indicou que tanto o Fe quanto o ARS são altamente característicos para tais filios ($p < 0,001$) (Figura 32a, b).

A PCoA das amostras de solo de cada local de coleta em função dos genótipos e da estação, juntamente com a devida análise PERMANOVA indicou que em todos os locais a

variável estação não teve diferenciação entre chuvosa e seca. Contudo, com exceção das amostras de Beberibe, o microbioma do solo diferiu em função dos genótipos (Figuras 33 e 34).

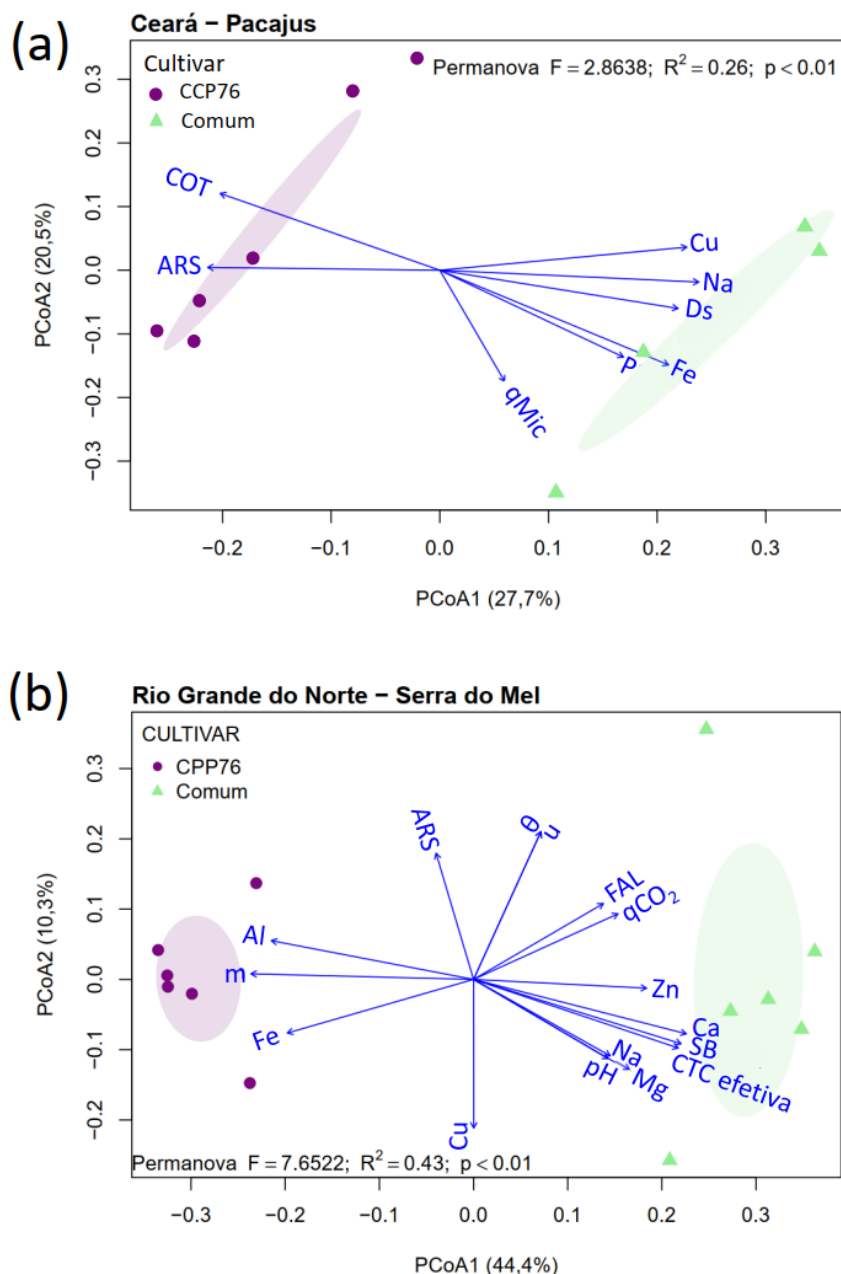
Figura 33 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros em função dos genótipos de cajueiros (CCP 76 e comum) aplicada ao local de coleta (a) Pio IX e (b) Beberibe. As elipses e as cores representam o agrupamento com base nos genótipos. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.



Mg = teor de magnésio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, m = saturação por alumínio, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo, qMic = quociente microbiano do solo.

Fonte: Autor.

Figura 34 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicada ao microbioma de solo cultivado com cajueiros em função dos genótipos de cajueiros (CCP 76 e comum) aplicada ao local de coleta (a) Pacajus e (b) Serra do Mel. As elipses e as cores representam o agrupamento com base nos genótipos. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.



Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, Zn = teor de zinco, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, ARS = atividade da arilsulfatase, FAL = atividade da fosfatase alcalina, qMic = quociente microbiano do solo, qCO₂ = quociente metabólico do solo.

Fonte: Autor.

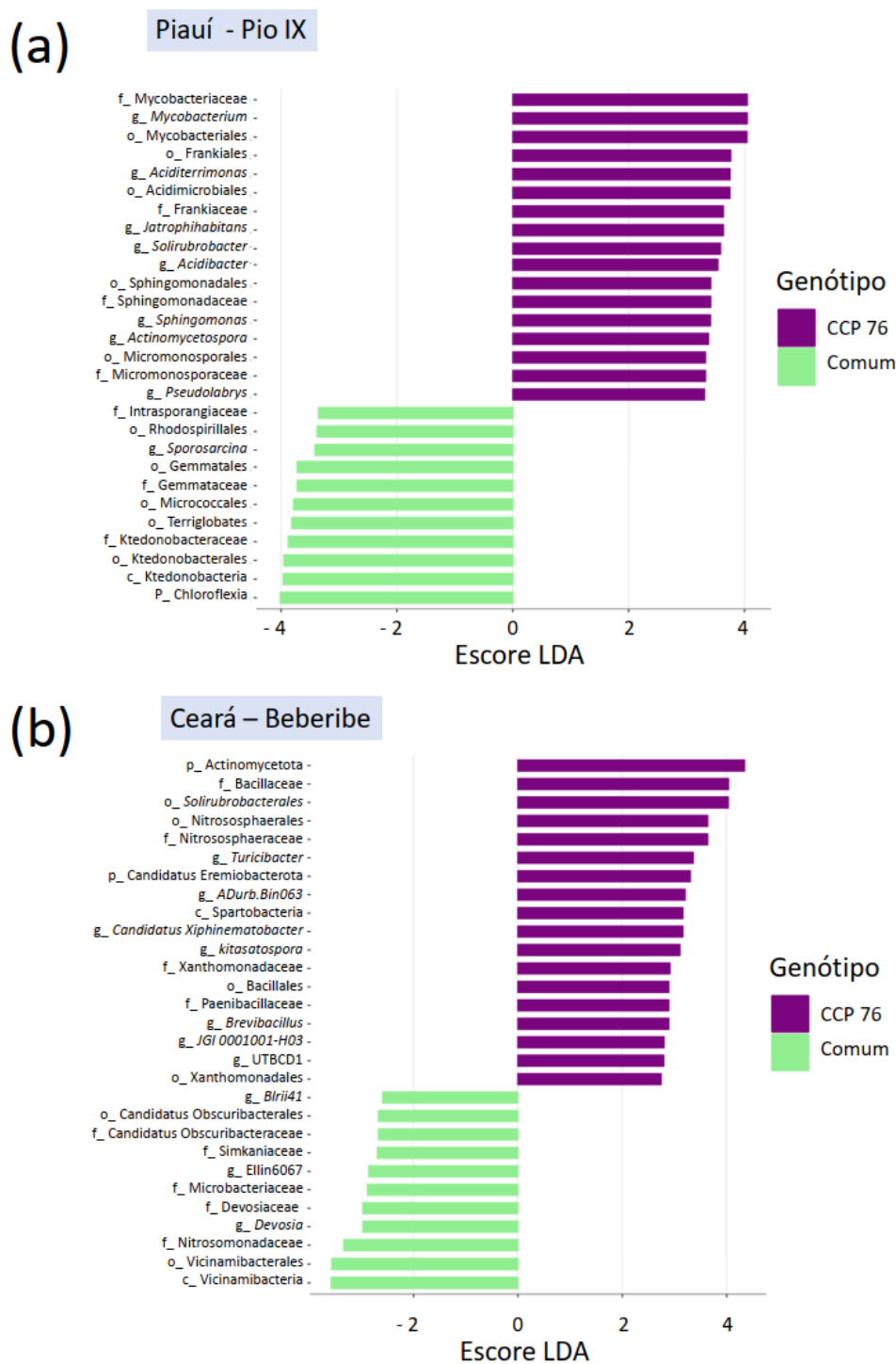
Nas amostras de solo de Beberibe, os dois primeiros autovetores (PCoA1 e PCoA2) respondem respectivamente a 31,4 e 19,1%, onde juntos chegam a soma de 50,5%. O teste de permutação indicou que COT, K, Mg, Zn, qMic e u contribuíram significativamente para a diferenciação das comunidades microbianas dos cajueiros CCP 76 e comum. Contudo, a análise PERMANOVA ($F = 1,6261$; $R^2 = 0,19$; $p < 0,1$) assinalou que, ainda que algumas variáveis tenham dado significância pela função “envfit”, não houve variações significativas entre os genótipos (Figura 33b).

Já para as amostras de Pacajus, observou-se que as duas principais coordenadas PCoA1 e PCoA2 respondem juntas a 48,2% das variações microbiológicas do solo entre os genótipos. Nessa região o teste de permutação indicou que COT, P, Na, Fe, Cu, qMic, Ds e ARS contribuíram significativamente para a diferenciação das comunidades microbianas do solo associado aos cajueiros CCP 76 e comum (Figura 34a).

Para as amostras de Pio IX, observou-se que as duas principais coordenadas PCoA1 e PCoA2 respondem juntas a 48,2% das variações entre genótipos. A análise de PERMANOVA ($F = 6,8347$; $R^2 = 0,41$; $p < 0,01$) indicou variações entre os genótipos, sendo estas notáveis ao longo do primeiro eixo. Nas amostras desta localidade o teste de permutação indicou que o pH, Al, P, Fe, Mn, m, u, θ e θ_{cc} contribuíram para a diferenciação das comunidades microbianas dos cajueiros CCP 76 e comum (Figura 33a).

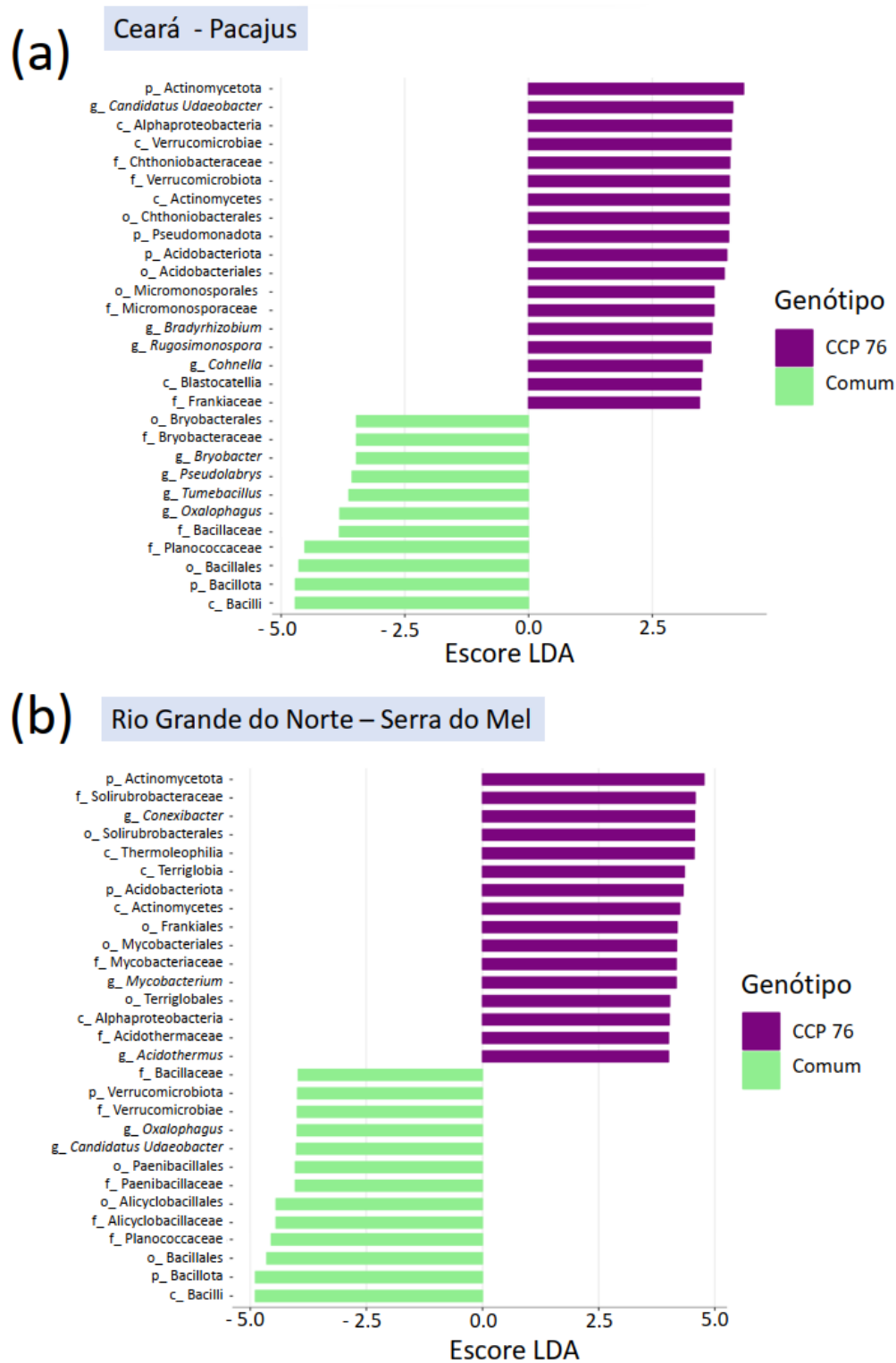
A LEfSe relativa ao solo de Pio IX em função dos genótipos indicou que o microbioma associado ao solo cultivado com a cultivar CCP 76 foi enriquecido por bactérias da família Mycobacteriaceae e Frankiaceae, enquanto o solo cultivado com cajueiros do genótipo comum foi enriquecido pela família Ktedonobacteraceae, com destaque também para o Filo Chloroflexia (Figura 35a). Já as amostras de solo de Pacajus, Beberibe e Serra do Mel em função dos genótipos indicou o enriquecimento do filo Actinomycetota, para a cultivar CCP 76, e Bacillota, em especial bactérias da classe Bacilli, para o genótipo comum (Figuras 35b e 36a, b).

Figura 35 - Análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros das regiões ((a) Pio IX, (b) Beberibe) e em função dos genótipos (CCP 76 e comum).



Fonte: Autor.

Figura 36 - Análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros das regiões ((a) Pacajus, (b) Serra do Mel) e em função dos genótipos (CCP 76 e comum).



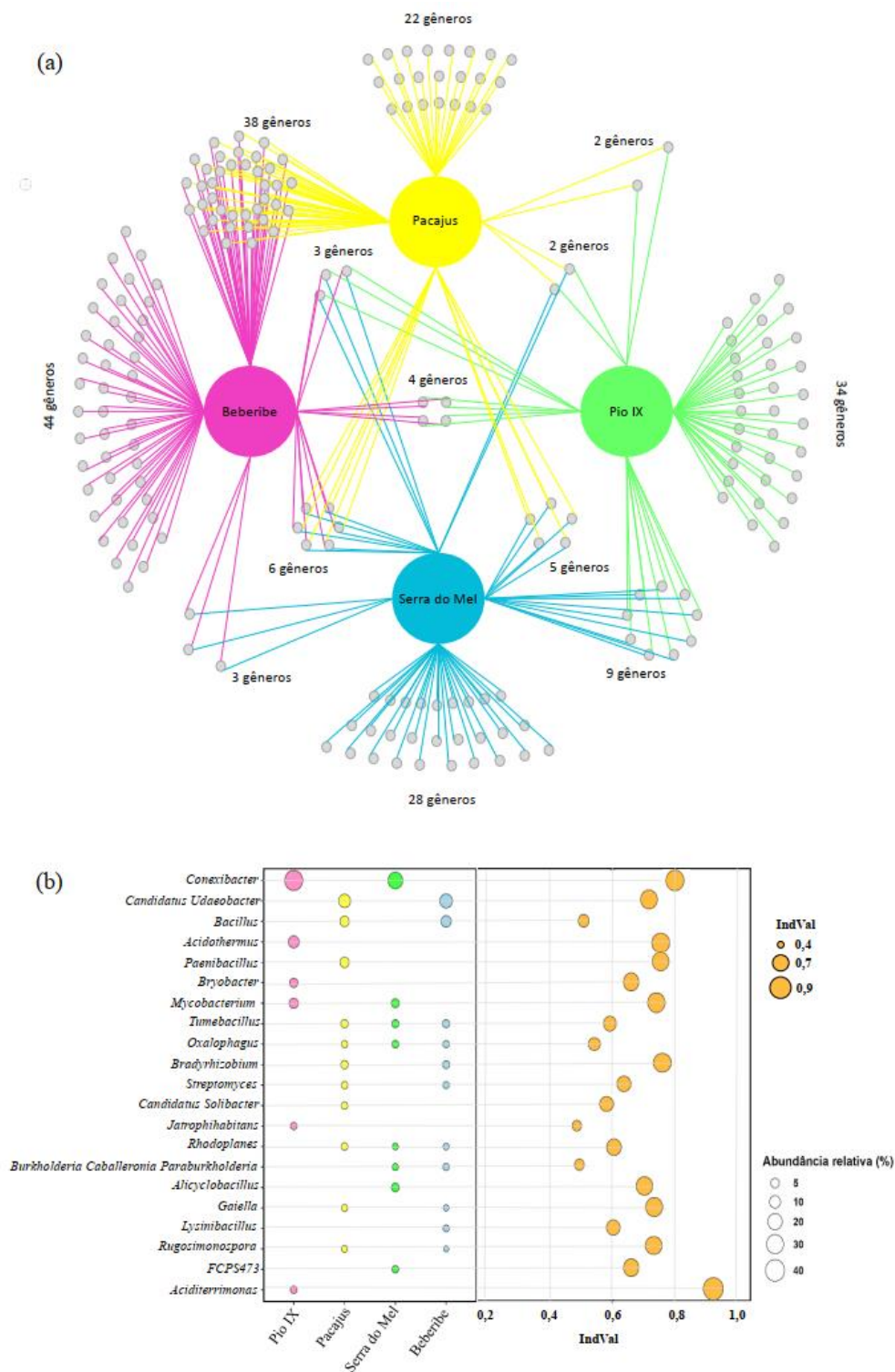
Fonte: Autor.

A PERMANOVA em função dos genótipos para as amostras de solo de Serra do Mel demonstrou diferença entre as comunidades microbianas relacionadas aos cajueiros CCP 76 e Comum ($F = 7.6522$, $R^2 = 0,43$, $p < 0,01$). Por sua vez, a análise de PCoA indicou que as duas primeiras coordenadas explicam 54,7% das variações entre a comunidade microbiana do solo relacionado aos genótipos e que diversas variáveis contribuíram para essa distinção, entre as quais destaca-se o pH, Al, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu, SB, CTC efetiva, m, qCO₂, u, θ , ARS e FAL (Figura 36b).

Nas amostras de solo de Serra do Mel as duas principais coordenadas justificam 54,7% dos dados e os autovetores das variáveis ambientais mostram que o solo relacionado a cultivar CCP 76 foi influenciado pelos teores de Al, Fe e pela saturação por Al (m) (Figura 28c). Além disso, a análise LEfSe para as amostras de Serra do Mel indicou que o microbioma associado ao solo cultivado com cajueiros CCP 76 foi enriquecido pelas classes Thermoleophila e Actinomycetota, ambas do filo Actinomycetota (Figura 36b).

A análise de espécies indicadoras (IndVal) possibilitou a indicação dos gêneros que melhor categorizam as localidades de coleta (IndVal > 0,30 e $p < 0,05$). Desta forma, 75 gêneros foram considerados indicadores para o solo da região de Pacajus, 98 para o de Beberibe, 54 para o de Pio IX e 56 para o de Serra do Mel. Nenhum desses gêneros foram considerados característicos do solo das quatro localidades simultaneamente. Um total de 22, 44, 34 e 28 foram indicadores exclusivamente das amostras de solo de Pacajus, Beberibe, Pio IX e Serra do Mel, respectivamente. O solo de Beberibe e Pacajus compartilham, somente entre si, o maior número de gêneros característicos de ambas as localidades (38). Por sua vez, as amostras de solo de Serra do Mel compartilharam 12 gêneros com as de Beberibe, 13 com as de Pacajus e 14 com as de Pio IX. Já para o solo de Pio IX, o IndVal indicou o compartilhamento de apenas 7 gêneros indicadores com o solo de Beberibe e 4 com o de Pacajus (Figura 37a).

Figura 37 – Espécies indicadoras (IndVal), ao nível taxonômico de gênero, relacionado a microbiota de amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Mapa indicativo da quantidade de gêneros indicadores (IndVal > 0,3 e $p < 0,05$) isolados e compartilhados entre os locais. (b) Abundância relativa dos gêneros indicadores com abundância maior que 2% e o valor dos respectivos IndVal.



Fonte: Autor.

Do total dos 200 gêneros considerados como indicadores para categorizar as localidades analisadas (Apêndice G), apenas 21 tiveram abundância superior a 2% (Figura 30b). Com destaque, principalmente em função da abundância, para *Conexibacter* (IndVal = 0,82) indicador das amostras relacionadas ao solo de Pio IX (Abundância = 38,0%) e de Serra do Mel (23,6%) e *Candidatus Udaeobacter* (IndVal = 0,74) e *Bacillus* (IndVal = 0,52), ambos indicadores das amostras de solo de Pacajus (14,1% e 7,4%, respectivamente) e de Beberibe (15,9% e 9,4%, respectivamente). Vale destacar também o *Aciditerrimonas*, espécie indicadora relacionada as amostras de solo de Pio IX, que embora não teve uma abundância elevada (2,8%), apresentou elevado valor de indicação (IndVal = 0,92) (Figura 37b).

Por sua vez, a análise de espécies indicadoras evidenciou que o gênero *Conexibacter* (da classe Thermoleophila) (IndVal = 0,82) foi representativo das amostras de solo de Pio IX e de Serra do Mel (Figura 37b). Tais resultados auxiliam a compreender a semelhança de diversidade beta da microbiota entre as amostras de solo de Pio IX com as associadas a cultivar CCP 76 de Serra do Mel (Figura 18a). Bem como sustentam a hipótese de que os micro-organismos do filo Actinomycetota tem preferência por regiões oligotróficas, como no caso, mais rico em Al e com menores teores de Ca, Zn, Mg e Cu.

Por sua vez, as amostras de solo relacionadas ao genótipo comum de Serra do Mel, tiveram maior padrão de abundância para o filo Bacillota do que as da cultivar CCP 76 (Figura 21). Bem como, a abundância desse filo no solo de Serra do Mel foi superior à das amostras de Pio IX, mas igual às de Beberibe e de Pacajus ($p < 0,05$) (Figura 22a). Além disso, a análise LEfSe indicou o solo de Serra do Mel foi enriquecido por bactérias da classe Bacilli (Filo Bacillota) (Figura 36b).

Já a análise de PCoA indicou que as amostras de solo de Serra do Mel relacionadas ao genótipo comum foram influenciadas pela soma de bases (SB), CTC efetiva, pH, FAL, qCO₂, bem como pelos teores de Na, Mg, Ca e Zn (Figura 33c). E ainda, a LEfSe indicou o solo relacionado ao genótipo comum em Serra do Mel teve enriquecimento por bactérias da classe Bacilli (filo Bacillota) (Figura 35b). De forma similar, as amostras relacionadas ao genótipo comum de Pacajus e Beberibe também foram enriquecidas por micro-organismos desta classe (Figuras 34b e 35a). Já a análise IndVal indicou que um dos gêneros que define o solo das localidades de Pacajus e Beberibe é o *Bacillus* (Indval 0,52), pertencente ao filo Bacillota (Figura 35b). Além disso, dos seis gêneros indicadores, compartilhados simultaneamente entre as amostras de solo de Pacajus, Beberibe e Serra do Mel, dois deles

(*Oxalophagus* e *Tumebacillus*, ambos pertencentes ao filo Bacillota) estiveram entre os 21 gêneros indicadores com abundância maior que 2% (Figura 37).

Sabe-se que Bacillota é um filo comumente associado a micro-organismos de características copiotróficas (YOU *et al.*, 2023; HOU *et al.*, 2022; PATHAN *et al.*, 2021). Embora exista estudo que o relata com características entre copiotrófico e oligotrófico, classificando-os como "oportunistas", a depender do estado nutricional do ecossistema (XIONG *et al.*, 2021). No presente estudo, observou-se que o filo Bacillota teve correlação negativa ($p < 0,05$) com Al ($r = - 0,39$) e m ($r = - 0,43$), mas positiva com CTC efetiva ($r = 0,38$), SB ($r = 0,41$) e teor de Ca ($r = 0,49$) (Figura 55). O PCoA indicou que as amostras relacionadas ao genótipo comum de Serra do Mel foram fortemente influenciadas pela CTC efetiva, SB e teor de Ca (Figura 33c), o que inferiu no enriquecimento por bactérias da classe Bacillus (filo Bacillota) como mostrado pela análise LefSe (Figura 36b).

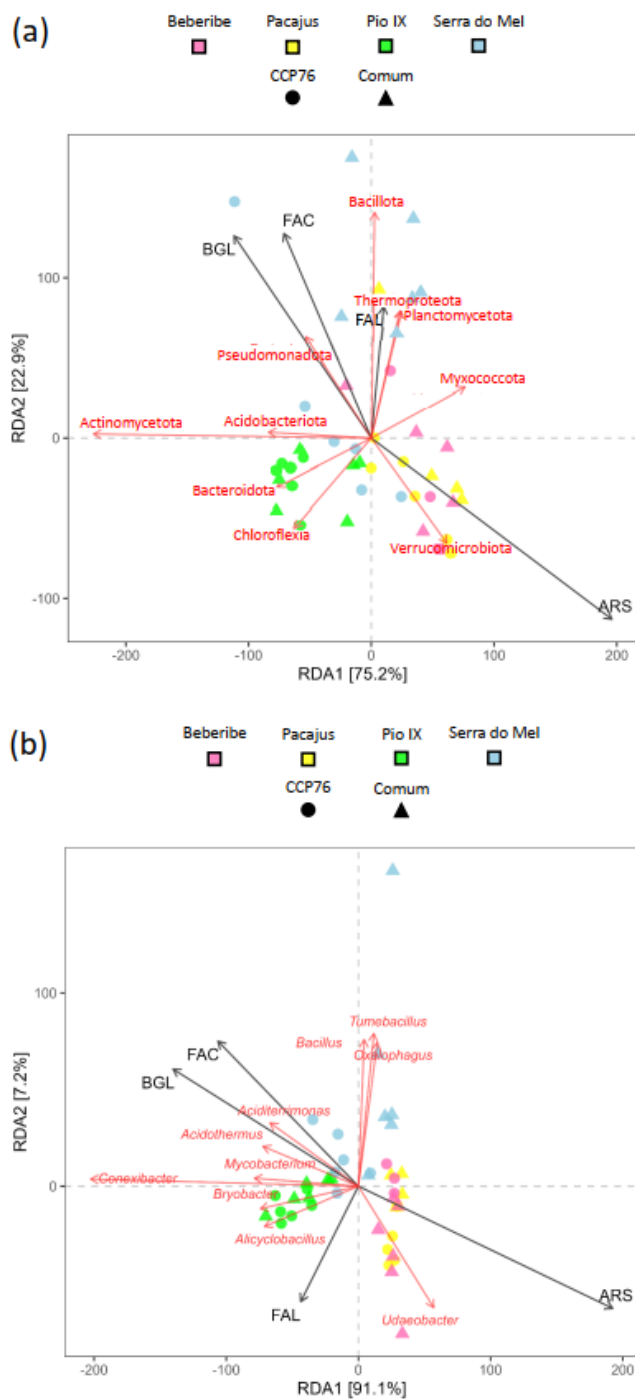
Assim, é provável que a similaridade da microbiota, indicada pelas Figuras 19a e 29, entre o solo relacionado ao genótipo comum de Serra do Mel com o solo de Pacajus e de Beberibe, tenha influência de grupos de micro-organismos do filo Bacillota. Contudo, embora Bacillota tenha sido um filo abundante nas amostras de solo de Pacajus e Beberibe, foi no solo de Serra do Mel que ele se destacou, conforme mostrado pelo LefSe (Figuras 29 e 30). Para as amostras de solo de Beberibe e Pacajus, os filios que mais enriqueceram tais localidades foram Acidobacteriota (Pacajus) e Verrucomicrobiota, Pseudomonadota e Myxococcota (Beberibe) (Figuras 35b e 36a).

Em virtude do C-BMS relacionado ao solo de Serra do Mel ter sido equivalente tanto nas amostras de solo relacionadas a cultivar CCP 76 quanto nas do genótipo comum, mas ter apresentado baixos valores de qCO_2 nas amostras relacionadas a cultivar CCP 76, pode-se inferir que a biomassa do solo relacionado a CCP 76 de Serra do Mel foi mais eficiente na utilização dos recursos do que a do genótipo comum dessa localidade. Como, nessa região, a abundância de Actinomycetota foi maior nas amostras de solo da CCP 76 do que nas do genótipo comum, sugere-se que o filo Actinomycetota seja mais eficiente na utilização dos recursos do que o Bacillota.

4.1.5 Potencial enzimático e metabólico funcional do solo

Na RDA os resultados demonstraram que os autovalores dos dois principais eixos, RDA1 e RDA2, respondem juntos a 98,1% e 98,3% das variações para filo (Figura 38a) e gênero (Figura 38b), respectivamente. Há uma concentração das amostras de Beberibe e Pacajus no quadrante inferior direito, enquanto as amostras de Pio IX ficaram concentradas no quadrante inferior esquerdo e as de Serra do Mel tiveram ordenação com base no RDA1, onde à esquerda ficaram concentradas as amostras relacionadas a cultivar CCP 76 e à direita as do genótipo comum.

Figura 38 – Diagrama da ordenação canônica pela análise de redundância (RDA) de comunidades bacterianas do solo adjacente à rizosfera de cajueiros de quatro regiões do nordeste brasileiro (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX) relacionando o potencial enzimático (ARS, BGL, FAC e FAL) com espécies indicadoras a nível taxonômico de filo (a) e gênero (b). As cores representam o agrupamento com base nos locais. Os autovetores e rótulos preto indicam variáveis enzimáticas e os vermelhos as espécies indicadoras que estão significativamente correlacionadas com os eixos da RDA.



FAL = atividade da fosfatase alcalina, FAC = atividade da fosfatase ácida, ARS = atividade da arilsulfatase, BGL = atividade da β -glicosidade

Fonte: Autor.

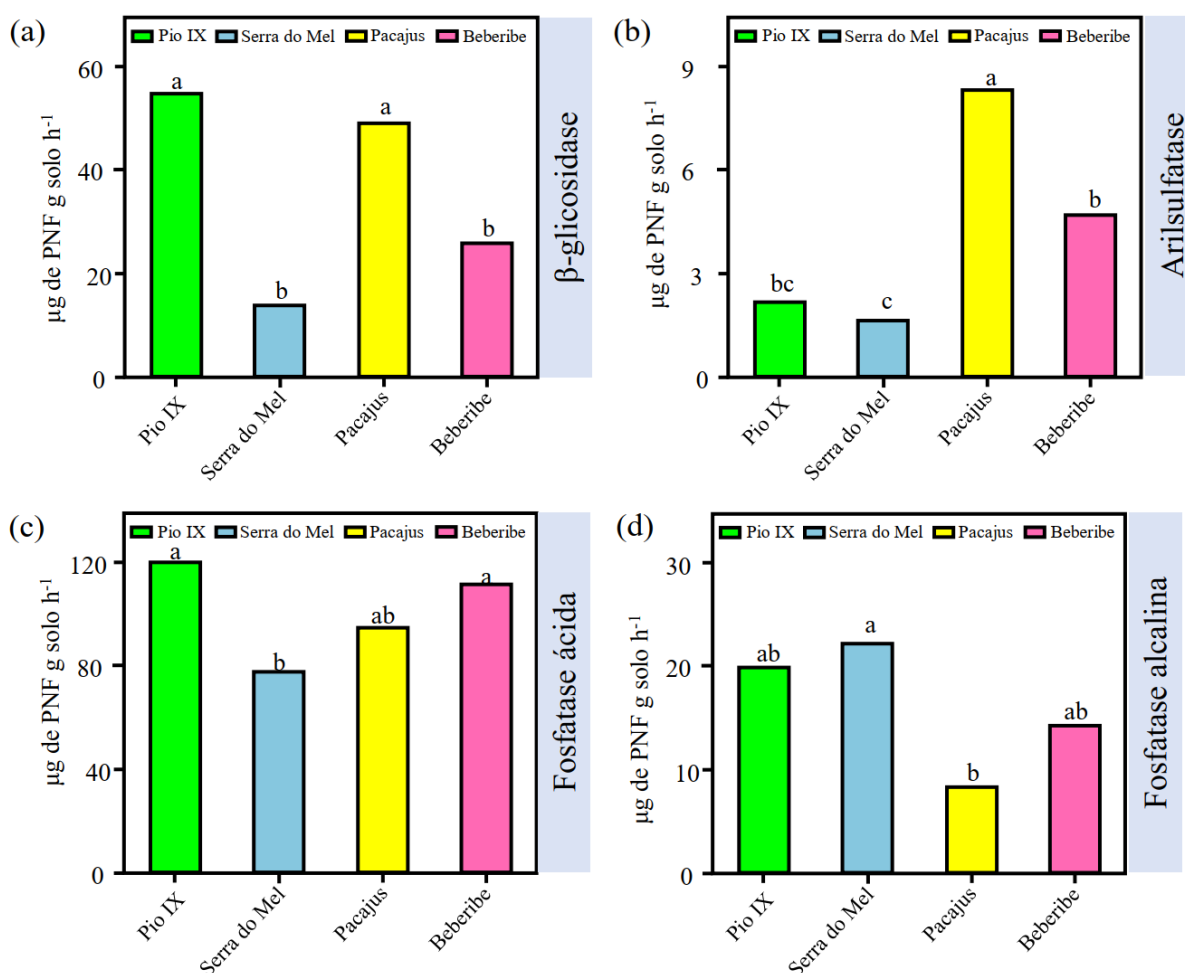
A ordenação tanto para o filo quanto para o gênero indicou que as enzimas fosfatase ácida (FAC) e β -glicosidase (BGL) diferriram da arilsulfatase (ARS) pelo primeiro e pelo segundo eixo, enquanto a ordenação da fosfatase alcalina (FAL) diferiu com base no primeiro eixo em relação a FAC e BGL. Além disso, a ARS está praticamente oposta a BGL e fortemente relacionada com as amostras de solo de Pacajus e Beberibe (Figura 38a, b).

Os filos Verrucomicrobiota e Pseudomonadota indicaram considerável relação com as enzimas ARS, BGL e FAC. Por sua vez, a FAL se correlacionou com os filos Bacillota, Thermoproteota e Planctomycetota (Figura 38a).

Os gêneros *Acidothermus*, *Aciditerrimonas* e *Mycobacterium* foram correlacionados com ARS, BGL e FAC. Já a enzima FAL foi caracterizada pela presença dos gêneros *Bacillus*, *Tumebacillus*, *Oxalophagus* e *Alicyclobacillus* (Figura 38b).

No presente estudo, todas as enzimas foram influenciadas pelo local de coleta (Figura 39).

Figura 39 – Análise de variância (ANOVA) das enzimas β -glicosidase (BGL) (a), arilsulfatase (ARS) (b) e fosfatases ácida (FAC) (c) e alcalina (FAL) (d) do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%.



Fonte: Autor.

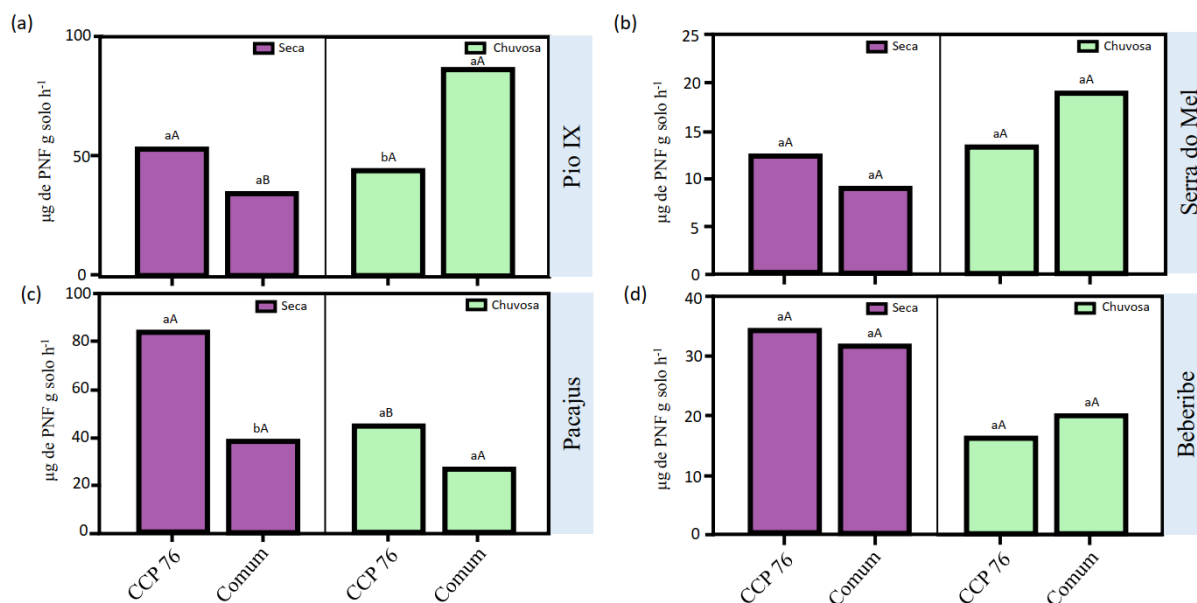
A BGL teve maiores médias nas amostras de Pio IX e Pacajus (55,16 e 49,53 $\mu\text{g de PNF g solo}^{-1} \text{ h}^{-1}$, respectivamente) (Figura 39a). A BGL é uma enzima fortemente relacionada ao ciclo do carbono (LI *et al.*, 2022b; SHENG *et al.*, 2022; LASOTA; BABIAK; BLONSKA, 2022). Diversos autores relacionam o aumento da BGL com o aumento da COT (BHATTACHARYYA *et al.*, 2021; CHELLAPPA *et al.*, 2021; MA *et al.*, 2020; VAZQUEZ *et al.*, 2019). Nesta pesquisa as maiores médias de COT foram observadas nas amostras de solo

relacionadas a Pio IX e Pacajus (Figura 10), o que possivelmente implicou na maior atividade da BGL dessas localidades.

O NMDS com base nas variáveis físicas, químicas, bioquímicas e biológicas indicou que a ordenação das amostras de solo de Pio IX e de Pacajus foi distinta em relação ao eixo NDMS1 (Figura 31). Os valores elevados de BGL nestas duas regiões podem estar relacionados a questões microbiológicas, contudo, as amostras de Pacajus e Pio IX compartilharam entre si apenas 386 ASV bacterianas (Figura 20) e apenas dois gêneros com IndVal maior que 3 (Figura 37a), mas nenhum desses possuiu abundância maior que 2% (Figura 37b). Então é pouco provável que a explicação para que o elevado valor da BGL destas duas regiões, aparentemente com microbiota tão distintas, tenham relação com os mesmos micro-organismos. Entretanto, podem estar relacionadas a micro-organismos distintos, mas com funções semelhantes em termos de atuação na BGL.

Em Pio IX a BGL foi maior nas amostras de solo relacionadas ao genótipo comum coletadas na estação chuvosa, enquanto em Pacajus a BGL foi mais elevada nas amostras de solo relacionadas a cultivar CCP 76 na estação seca (Figura 40c). Embora a literatura correlacione positivamente a umidade do solo com a BGL (WANG *et al.*, 2015b; SARDANS; PEÑUELAS, 2005), nesta pesquisa a umidade do solo da estação seca não diferiu da umidade na estação chuvosa.

Figura 40 – Análise de variância (ANOVA) referente a β -glicosidase (BGL) do solo em função do genótipo (CCP 76 e comum), da estação (seca e chuvosa) e das quatro regiões: Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo.



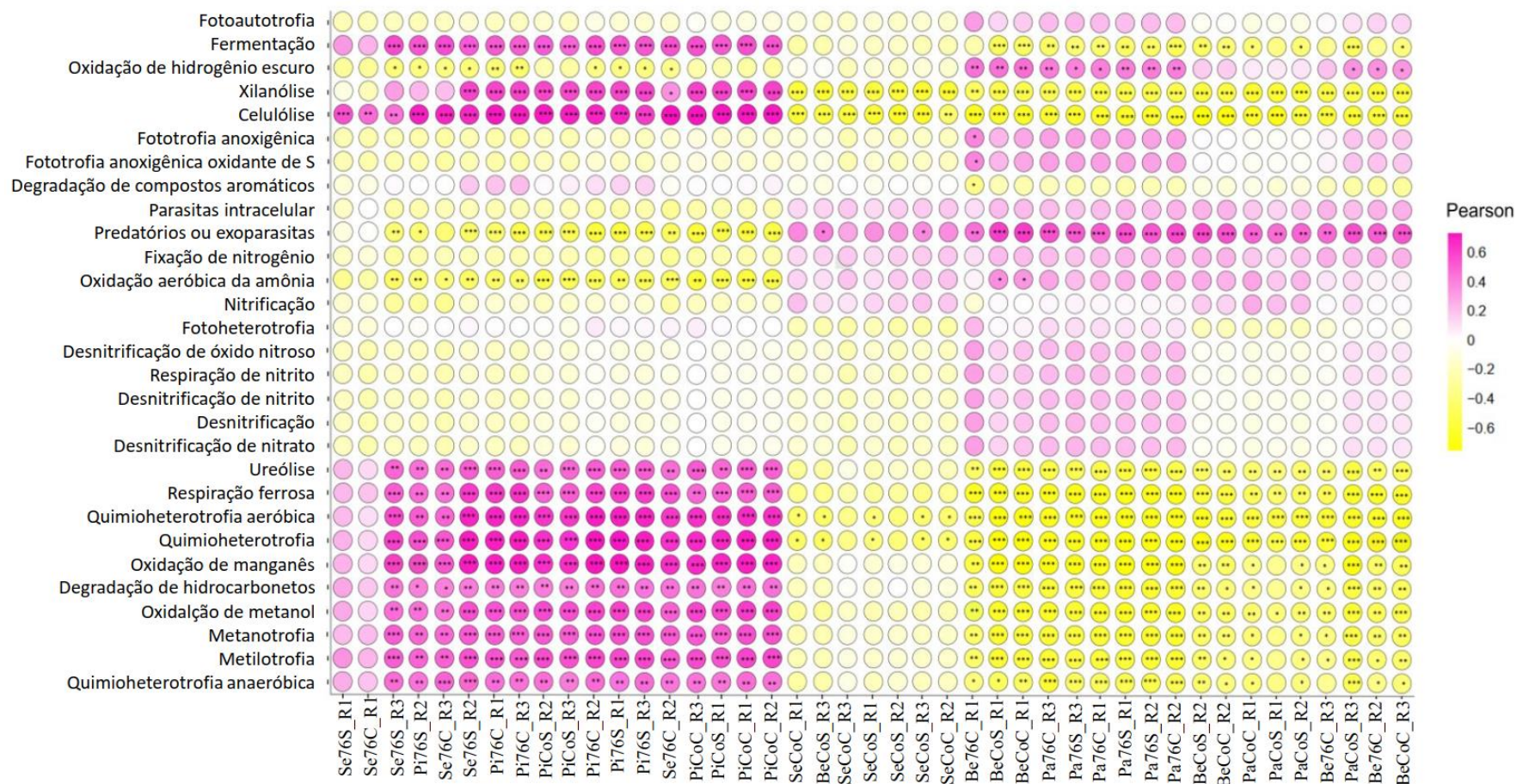
Fonte: Autor.

Observou-se que a BGL foi correlacionada ao filo Actinomycetota e negativamente correlacionada com o filo Bacillota (Figura 32b). Além disso, o solo de Pio IX apresentou elevada abundância do filo Actinobactéria e baixa de Bacillota (Figura 21b). Desta forma, provavelmente estes dois grupos de micro-organismos contribuíram mutuamente para o maior valor de BGL encontrado nessa região.

Contudo, a análise LEfSe indicou que as amostras de solo de Pacajus foram enriquecidas pelo filo Acidobacteriota (Figura 36a). Porém, a BGL não apresentou correlação com este filo (Figura 32b).

Além disso, não foram verificadas redundâncias funcionais congruentes entre as amostras de Pio IX e de Pacajus, pelo contrário, o coeficiente de Pearson para as maiorias das funções é antagônico entre essas duas regiões (Figura 41). Nessa análise observou-se que as amostras estão divididas em dois grandes grupos. O primeiro incluiu as amostras de Pio IX, independente do genótipo ou estação, bem como as do genótipo CCP 76 de Serra do Mel, independente da estação. O segundo grupo contemplou as amostras de Beberibe e Pacajus, independente do genótipo ou estação, além das amostras do genótipo comum de Serra do Mel, em ambas as estações.

Figura 41 – Relações correlacionais de predição funcional em função das 43 amostras do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva (rosa) ou negativa (amarela), bem como a intensidade dessa correlação, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *randon forest* (rf) (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$).



Nomeclatura das amostras: XxYyK_Rz, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Genótipo do cajueiro (Co = comum e 76 = CCP 76); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa); Rz = Repetição amostral (z = 1 a 3, para repetições 1 a 3, respectivamente)

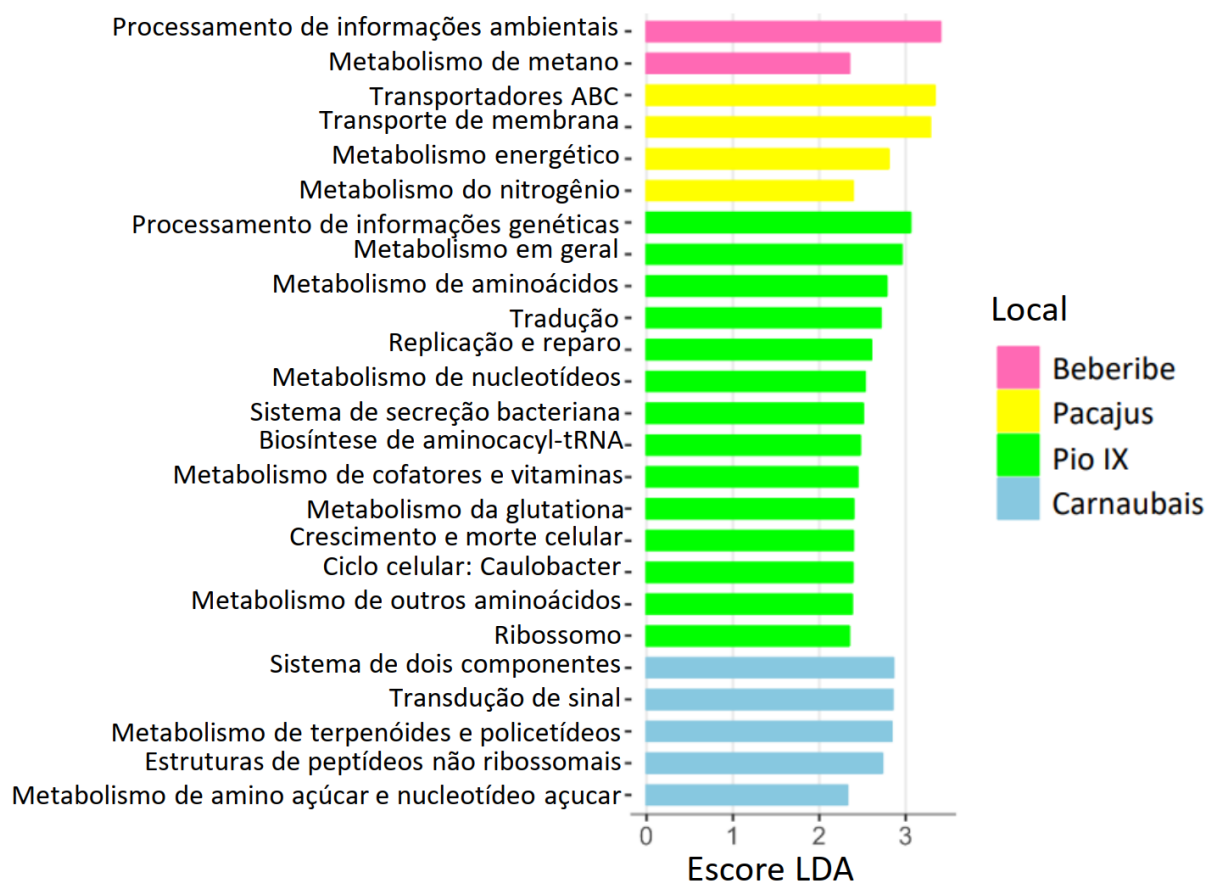
Fonte: Autor.

Assim, a maioria das amostras de solo de Pio IX, para ambos os genótipos de cajueiro, e da cultivar CCP 76 de Serra do Mel, foram fortemente correlacionadas as funções tais como de ureólise, quimioheterotrofia, a respiração ferrosa, a oxidação de manganês e de metanol, degradação de hidrocarbonetos, fermentação, xilanólise e celulólise. Tendo as demais amostras, em grande maioria, uma correlação negativa para essas mesmas funções (Figura 41).

O antagonismo entre estes dois grupos em termos de predição funcional também pode ser observado nas funções relacionadas ao ciclo de nitrogênio, como nitrificação, fixação de nitrogênio, oxidação aeróbica da amônia, respiração de nitritos e desnitrificação de nitratos, nitritos e de óxidos nitroso, que foram correlacionadas com as amostras de Beberibe e Pacajus e negativamente correlacionadas com as amostras de Pio IX (Figura 41).

A LEfSe das predições funcionais em função dos locais de coleta indicou que as amostras de solo de Pacajus foram enriquecidas por micro-organismos responsáveis pelo metabolismo energético (Figura 42). O que corrobora com o fato de que a BGL é uma enzima que catalisa a hidrólise de glicosídeos, no caso maltose e celobiose, e, como produto, produzem glicose, uma importante fonte de energia para o crescimento e atividade microbiana do solo (ADETUNJI *et al.*, 2020).

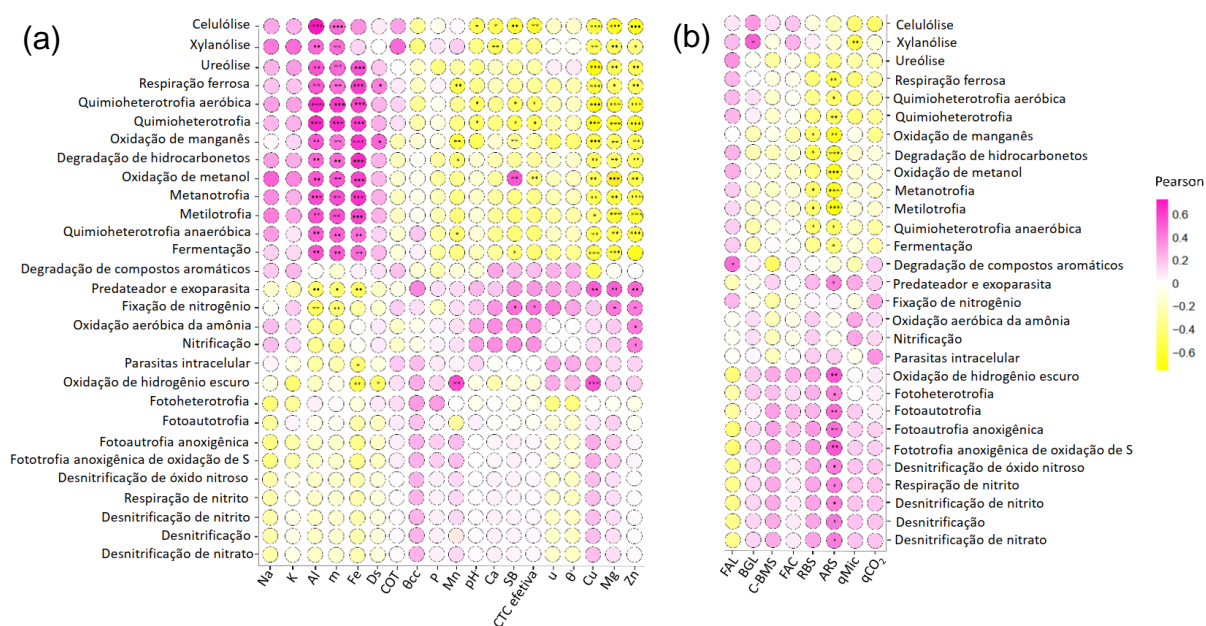
Figura 42 –Análises LEfSe com os escores LDA identificando as funções previstas que mais estão relacionadas com a microbiota do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa).



Fonte: Autor.

Já a predição das atividades funcionais com base nas variáveis físicas, químicas, biológicas e bioquímicas, indicou que a maioria das funções foram correlacionadas, de forma moderada a forte, com a enzima ARS. O teste rf indicou que a ARS é um fator potencialmente característico para grande parte do metabolismo funcional. De uma forma geral, esta enzima foi negativamente correlacionada a micro-organismos com funções associadas à quimioheterotrofia, à respiração ferrosa, à oxidação de manganês e de metanol, à degradação de hidrocarbonetos e à fermentação. Não obstante, a ARS foi correlacionada com funções associadas ao ciclo do nitrogênio, como nitrificação, desnitrificação de nitritos e nitratos e respiração de nitritos, embora tenha sido negativamente relacionada com a ureólise. Outras funções, as quais a ARS está correlacionada, são associadas à fotoheterotrofia, à fotoautotrofia e à fototrofia anoxigênica (Figura 43b).

Figura 43 – Relações correlacionais de predição funcional em função das variáveis (a) químicas (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicas (Ds, u, θ e θ_{CC}) e (b) biológicas e bioquímicas (C-BMS, RBS, ARS, BGL, FAL e FAC) associadas ao solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva (rosa) ou negativa (amarela), bem como a intensidade dessas correlações, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *random forest* (rf) indicando as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$).

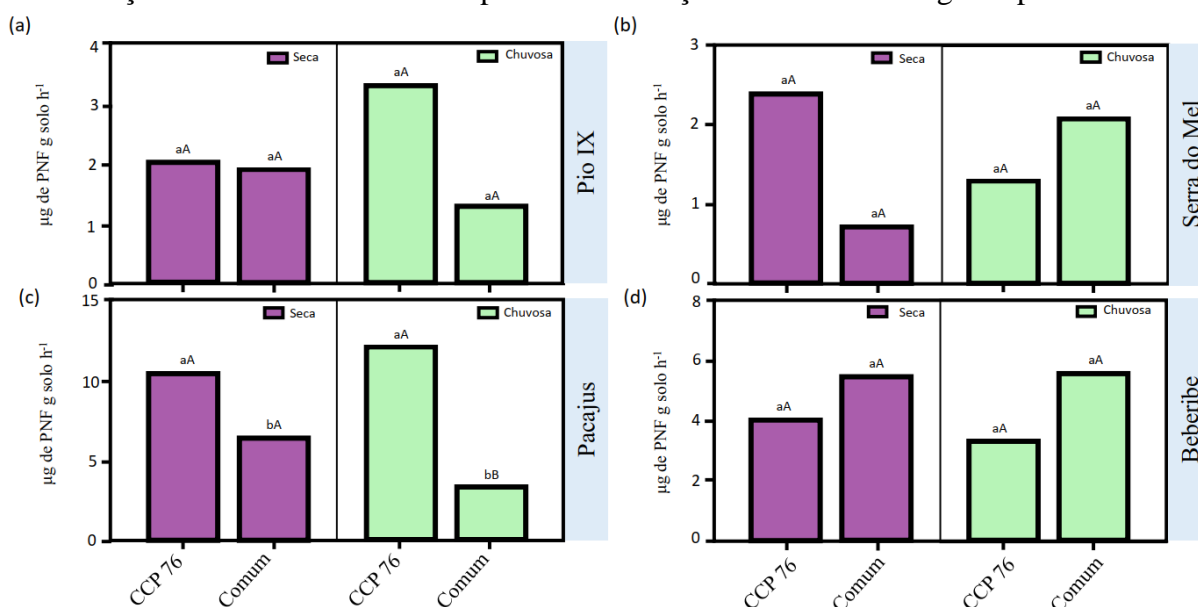


Fonte: Autor.

Embora com menor intensidade, de uma forma geral, outras variáveis biológicas como RBS, C-BMS, qMic e qCO₂ demonstraram correlação semelhante a ARS para as funções citadas no parágrafo anterior. A enzima FAL apresentou um comportamento de correlação, de uma forma geral, antagônico e de menor intensidade ao da ARS, sendo significativa apenas para degradação de compostos aromáticos (Figura 43).

As arilsulfatases são consideradas enzimas da classe de ésteres, de grande importância nos ciclos de S no solo, ao hidrolizar éster de sulfato (CHAER *et al.*, 2023, CHEN *et al.*, 2019). No presente estudo a ARS foi significativamente maior nas amostras de Pacajus, superando em 401%, 279% e 77% aos valores médios de ARS das amostras de solo relacionadas a Serra do Mel, Pio IX e Beberibe, respectivamente (Figura 44b).

Figura 44 – Análise de variância (ANOVA) referente a arilsulfatase (ARS) do solo cultivado com cajueiros dos genótipos CCP 76 e comum, sem manejo antrópico, de quatro locais do Nordeste brasileiro (Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d)) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo.



Fonte: Autor.

A ARS possuiu forte correlação com bactérias pertencentes aos filos Proteobacteriota e o Verrucomicrobiota (Figura 32b). A análise LEfSe indicou que esses dois filos foram mais indicativos para as amostras de Beberibe. Contudo, o solo de Pacajus foi enriquecido por bactérias da ordem Rhizobiales (filo Pseudomonadota), especialmente da família Xanthobacteraceae (Figuras 29 e 30), a qual apresentou, nessa região, dois gêneros indicadores com IndVal maior do que 30% e abundância maior que 2% (*Bradyrhizobium* e *Rhodoplanes*) (Figura 37b), que também podem estar associados ao aumento da ARS.

Além disso, as amostras de solo associadas a cultivar CCP 76 na região de Pacajus foram enriquecidas por *Bradyrhizobium* (Figura 36a) e apresentaram valores elevados de ARS (Figura 44c). Assim, seria coerente inferir que o aumento na ARS do solo em Pacajus esteja relacionado a presença de micro-organismos do filo Pseudomonadota e Verrucomicrobiota. Alguns estudos relatam que cepas bacterianas do filo Pseudomonadota são conhecidas por sua atividade da ARS e podem estar associadas à mineralização do S (SLEZACK-DESCHAUMES, *et al.*, 2012). O que justifica o valor mais elevado da ARS no solo de Beberibe do que no de

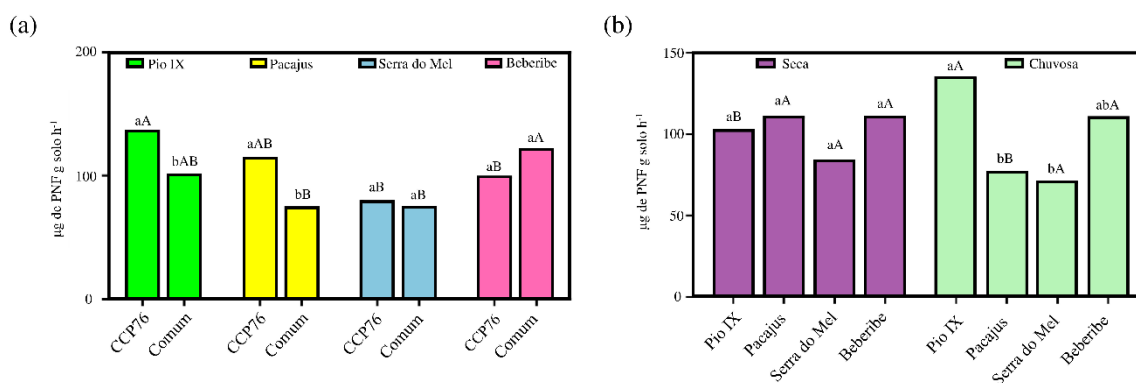
Serra do Mel e Pio IX (Figura 39b). Contudo, não justifica o fato da ARS no solo de Pacajus superar a do solo de Beberibe em 77%, haja vista que as amostras de solo de Beberibe tiveram elevada abundância desses filos (Figura 21b), sendo esperado, assim, que a ARS do solo em Beberibe fosse próxima da em Pacajus.

Entretanto, há indícios de que o solo de Pacajus apresentou médias mais elevadas de SB, CTC efetiva, Ds e teores de K, Mg, Zn e Mn do que o solo de Beberibe (Figura 10). Enquanto as amostras de solo de Beberibe tiveram maiores médias de Na, Al e de θ_{cc} do que as de Pacajus (Figura 10). O presente estudo indicou que tanto o filo Verrucomicrobiota, quanto o Proteobacteriota tiveram elevada correlação com a CTCefetiva, SB, Cu, Zn, Mg e Mn, e correlação negativa com Al (Figura 32a). Desta forma, mesmo que a abundância e composição da microbiota entre os solos de Pacajus e Beberibe fossem semelhantes, existem diferenças físicas e químicas do solo que contribuíram para a diferenciação da ARS do solo entre essas localidades.

O presente estudo indicou que os micro-organismos tiveram efeitos quase que antagônicos em relação a FAL e a ARS. Assim, enquanto a ARS teve correlação com Pseudomonadota, Verrucomicrobiota, Acidobacteriota e Planctomycetota, a FAL teve correlação negativa com tais taxa (Figura 32b). Desta forma, enquanto o solo de Pacajus obteve maior média para a ARS, em relação à FAL, o solo dessa região teve a média mais baixa (Figura 32d).

O solo de Serra do Mel obteve a menor média da atividade da FAC dentre as demais localidades (Figura 39c). Enquanto o solo associado ao genótipo comum em Beberibe e em Pio IX apresentaram maiores médias de FAC do que os em Serra do Mel e Pacajus. Para os solos de Serra do Mel e de Beberibe, a variável genótipo não indicou diferenciação na atividade da FAC, contudo nas amostras de solo de Pio IX e Pacajus, solos associados a cultivar CCP 76 tiveram maior FAC do que o solo associado ao genótipo comum (Figura 45a).

Figura 45 – Análise de variância (ANOVA) referente a fosfatase ácida (FAC) presente no solo cultivado com cajueiros. (a) Relação entre genótipos (CCP 76 e comum) e regiões (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX), onde letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada região e letras maiúsculas compararam as regiões dentro de cada genótipo. (b) Relação entre regiões e estação (seca e chuvosa), onde letras minúsculas compararam as regiões dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada região. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%.

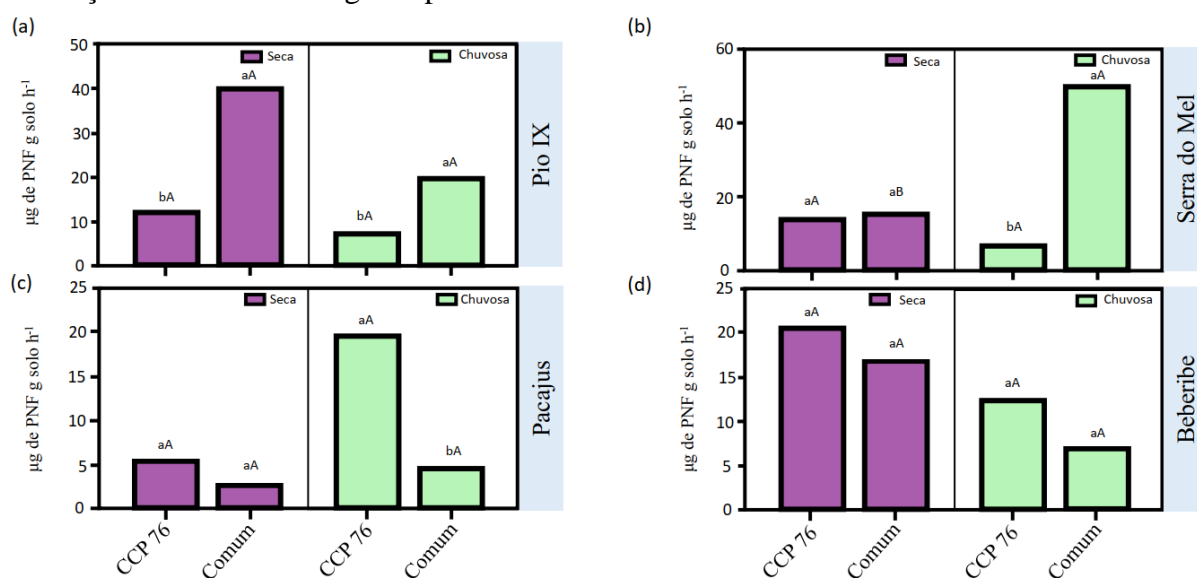


Fonte: Autor.

A atividade da FAC no solo não apresentou diferenciação com a estação seca em função dos locais de coleta. Contudo na estação chuvosa a FAC associada ao solo de Pio IX e de Beberibe foi superior aos das amostras de solo de Pacajus e Serra do Mel. Considerando a FAC para uma mesma região, solos associados a estação chuvosa de Pio IX tiveram maior atividade da FAC do que os da estação seca, condição contrária ocorreu nos solos associados a região de Pacajus (Figura 45b).

Em solos do município de Pio IX a fosfatase alcalina (FAL) foi superior no genótipo comum, independente da estação (Figura 46a), fato que também ocorreu na estação chuvosa de solos associados a Serra do Mel (Figura 46b). Já nas amostras de solo em Pacajus, somente houve diferenciação na estação chuvosa, com a atividade da FAL relacionada ao solo cultivado com cajueiros da cultivar CCP 76 superando ao de cajueiros-comum (Figura 46c). Por sua vez, a atividade da FAL no solo relacionado ao município de Beberibe não diferiu nem com relação ao genótipo e nem com relação a estação (Figura 46d).

Figura 46 – Análise de variância (ANOVA) referente a fosfatase alcalina (FAL) presente no solo cultivado com cajueiros em função do genótipo (CCP 76 e comum), da estação (seca e chuvosa) e das quatro regiões: Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam os genótipos dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada genótipo.



Fonte: Autor.

As variáveis físicas (θ_{CC} , θ , u e D_s) tiveram fraca correlação com as predições funcionais. Dessas variáveis, destaca-se a D_s a qual apresentou correlação com a respiração por compostos férricos e a oxidação de manganês e correlação negativa com a oxidação escura de hidrogênio (Figura 43).

Grande parte das variáveis químicas foram correlacionadas de forma moderada a forte com as predições funcionais. Contudo, o teste r_f destacou apenas as correlações dos teores de Fe, Al, Mn, Mg, Zn e Cu, bem como da saturação por alumínio (m). Geralmente m , Al e Fe se correlacionaram de forma similar com as predições funcionais, tendo uma correlação antagônica a Mn, Mg, Zn e Cu. Assim, enquanto Fe, m e Al tiveram correlação com funções tais como ureólise, quimioheterotrofia, a respiração por compostos férricos, a oxidação de manganês e de metanol, degradação de hidrocarbonetos, fermentação, xilanólise e celulólise, os teores de Mn, Mg, Zn e Cu tiveram correlação negativa com tais funções. Não obstante, em funções tais como fixação de nitrogênio, oxidação aeróbica da amônia e nitrificação, o teor de Al e a saturação por alumínio (m), apresentaram correlação negativa, enquanto para os teores de Mn e Zn a correlação foi positiva (Figura 43).

4.2 Estudo 2 - Influência do manejo do solo sob o microbioma do solo cultivado com cajueiros CCP 76

“O papel dos infinitamente pequeno na natureza é infinitamente grande” (Louis Pasteur)

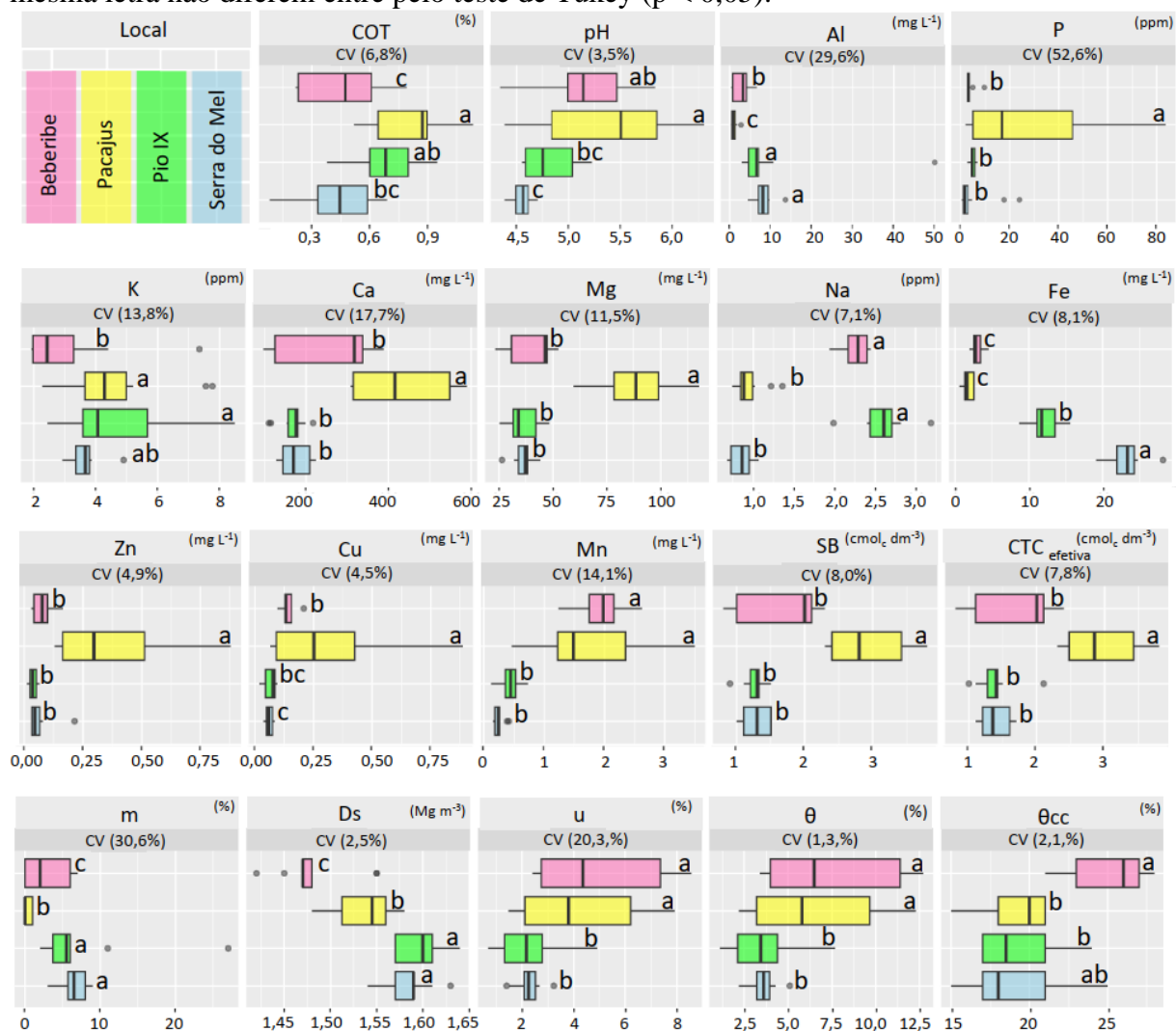
4.2.1 Atributos físico, químicos e biológicos do solo

4.2.1.1 Atributos físico-químicos do solo

Neste estudo, todas as variáveis físicas (u , θ , θ_{cc} e D_s) e químicas (COT, CTCefetiva, pH, m , s e teores de Ca, Mg, Na, Fe, Al, P, K, Zn, Mn e Cu) do solo indicaram diferenciação entre as amostras de diferentes locais de coleta.

As amostras de solo de Pacajus obtiveram os maiores teores de Mg ($85,52 \text{ mg L}^{-1}$), P (10,7 ppm), Zn ($0,38 \text{ mg L}^{-1}$), Ca ($408,17 \text{ mg L}^{-1}$), Cu ($0,28 \text{ mg L}^{-1}$), bem como maior soma de base (SB) ($2,76 \text{ cmol}_c \text{ dm}^{-3}$) e CTCefetiva ($2,78 \text{ cmol}_c \text{ dm}^{-3}$), apresentando baixos teores de Al ($1,09 \text{ mg L}^{-1}$) e m (0,6%). Já o solo de Serra do Mel teve teor de Fe ($23,01 \text{ mg L}^{-1}$) mais elevado do que as demais localidades. Enquanto a menor D_s foi registrada nas amostras de Beberibe ($1,46 \text{ Mg m}^{-3}$). Os maiores teores de COT foram no solo de Pacajus e Pio IX (0,76 e $0,64 \text{ dag kg}^{-1}$, respectivamente). A menor média de pH e maior de m foram encontradas nas amostras de Serra do Mel (4,53; 6,55%, respectivamente) e Pio IX (4,83; 6,85%, respectivamente). Enquanto a menor média de K e maior de θ_{cc} , foi observada nas amostras de solo de Beberibe (2,91 ppm; 25,40%, respectivamente) e de Serra do Mel (3,70 ppm; 22,40%, respectivamente). O solo de Serra do Mel e Pacajus apresentou a menor concentração de sódio das quatro localidades (0,84 e 0,99 ppm, respectivamente). Já a maior média do teor de Mn, u e θ foram para as amostras de solo de Beberibe ($1,70 \text{ mg L}^{-1}$; 5,48%; 6,41%, respectivamente) e de Pacajus ($1,81 \text{ mg L}^{-1}$; 4,17%; 8,00%, respectivamente) (Figura 47).

Figura 47 – ANOVA das variáveis físicas e químicas do solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função dos quatro locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).

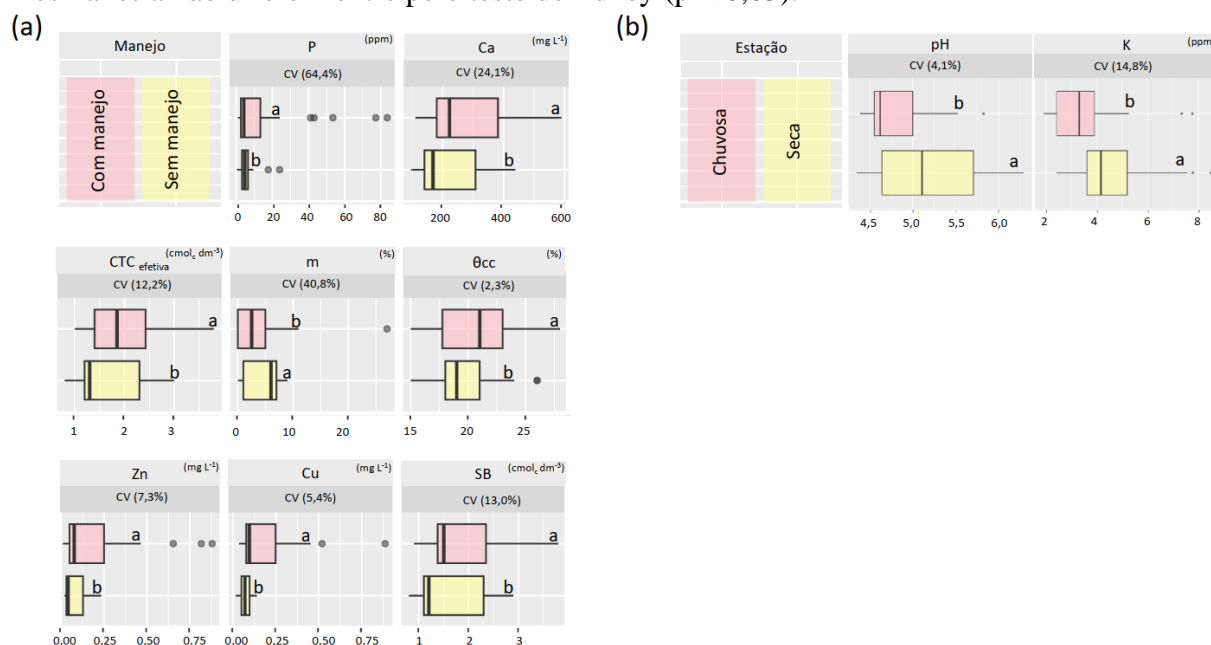


Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTC_{efetiva} = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo

Fonte: Autor

A ANOVA indicou que os teores de P, Ca, Zn e Cu, bem como a CTC efetiva, θ_{cc} e SB, foram maiores no solo com a condição com manejo, enquanto o m foi maior nas amostras associadas à condição sem manejo (Figura 48a).

Figura 48 – ANOVA das variáveis físicas e químicas de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função do manejo (com e sem manejo) (a) e das estações (chuvosa e seca) (b). Médias com mesma letra não diferem entre pelo teste de Tukey ($p < 0,05$).



Ca = teor de cálcio, pH = potencial hidrogeniônico, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, θ_{cc} = capacidade de campo

Fonte: Autor

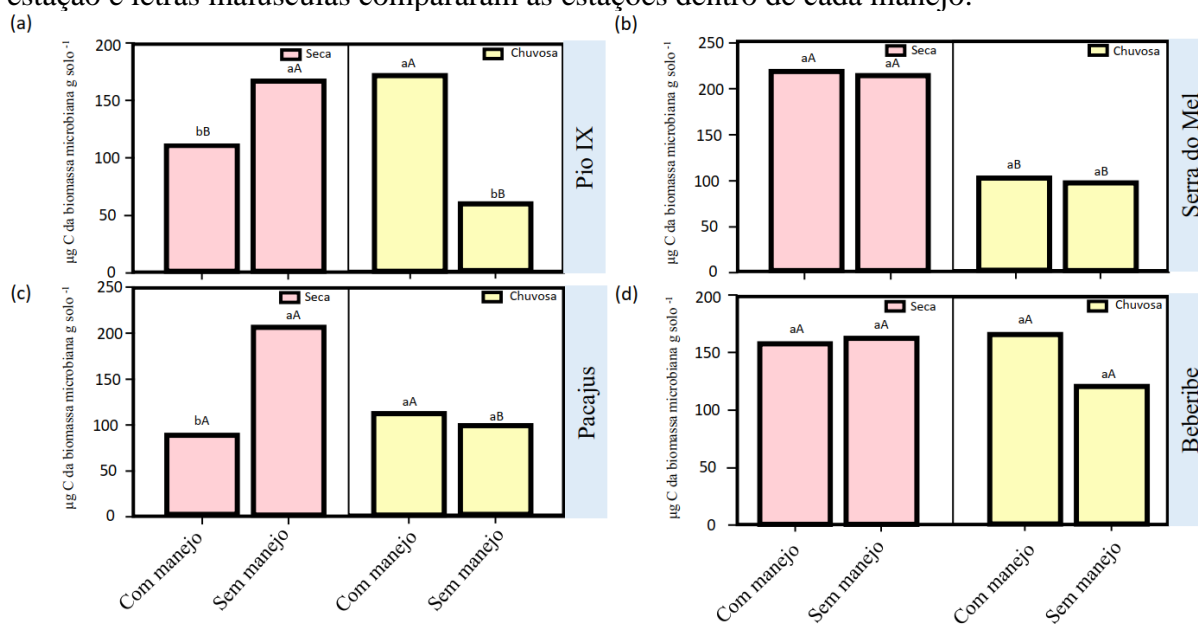
Já com relação os períodos de coleta, apenas duas variáveis do solo, pH e teor de K, indicaram diferenciação com ambas sendo mais elevadas na estação seca (Figura 48b).

4.2.1.2 Atributos biológicos do solo

Tanto na região de Pio IX (Figura 49a), quanto de Pacajus (Figura 49c), o carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS) associado as amostras da estação seca da condição com manejo foi menor do que as da condição sem manejo. Além disso, o C-BMS das amostras de solo associadas à condição sem manejo da estação seca superou as da chuvosa. Segundo Perez *et al.* (2014), em mata nativa, a manutenção da biomassa microbiana do solo (BMS) é estimulada pelo maior fluxo de resíduos vegetais, bem como, maior número de raízes e umidade do solo. O que infere concluir que a BMS do cultivo sem manejo pode ser favorecida pelo aumento no teor de matéria orgânica do solo (MOS). Ademais, a ANOVA relacionada às análises químicas indicou que o solo de Pacajus obteve o maior valor de COT (Figura 47). A

maior disponibilidade de MO em sistemas com elevada diversidade vegetal e baixo manejo pode favorecer o acúmulo de C-BMS (HOFFMANN *et al.*, 2018).

Figura 49 – Carbono da biomassa microbiana do solo (C-BMS) em função do manejo (com e sem manejo) e das estações (chuvosa e seca) para as quatro regiões: (a) Pio IX, (b) Serra do Mel, (c) Pacajus e (d) Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada manejo.

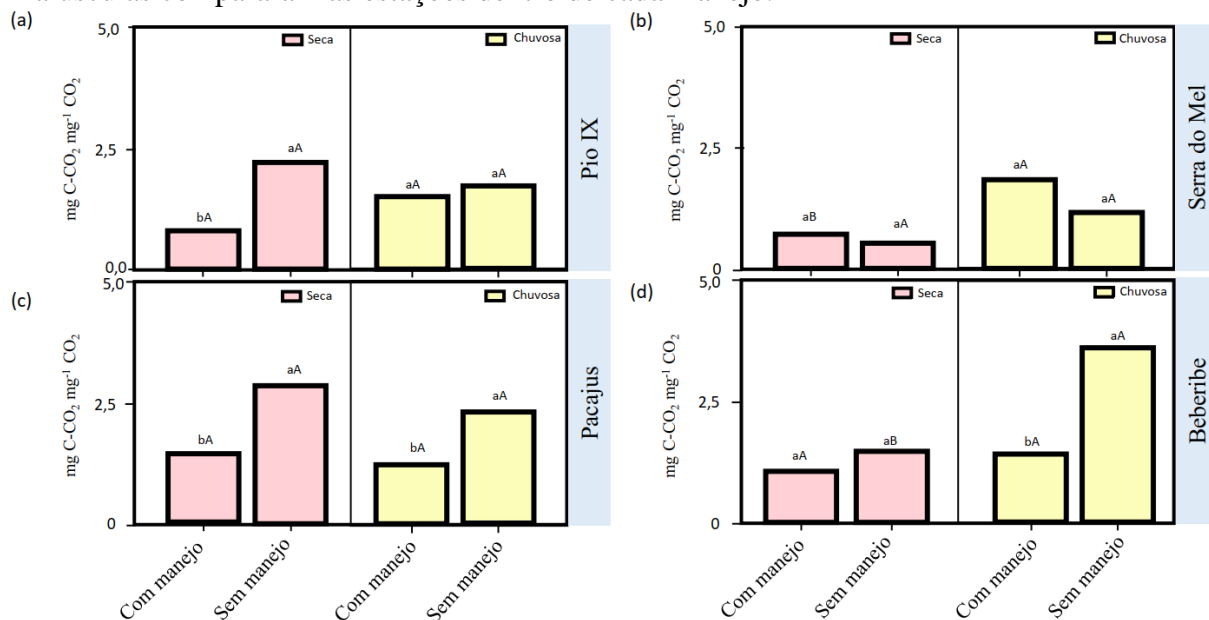


Fonte: Autor.

No solo de Serra do Mel, independentemente de haver manejo ou não, o C-BMS foi maior na estação seca do que na chuvosa (Figura 49b). Já as amostras de solo de Beberibe não apresentaram diferenciação da C-BMS com relação ao manejo e nem com relação a estação (Figura 49d).

Por sua vez, o solo de Pacajus apresentou diferenciações entre as condições de manejo, tais que independente da estação a condição sem manejo apresentou maior qCO_2 do que a com manejo (Figura 50c). Frequentemente valores elevados de qCO_2 têm sido associados à ambientes sem limitação nutricional (MANZONI *et al.*, 2012; ESSER *et al.*, 2011). Salienta-se que neste estudo o solo associado a região de Pacajus apresentou valores mais elevados, dentre as demais localidades, dos teores de P, K, Ca, Mg, Zn, Cu, Mn, bem como de umidade do solo (u e θ) e de soma de bases (SB) (Figura 47), o que pode ter contribuído para os valores elevados de qCO_2 dessa localidade.

Figura 50 – Quociente metabólico (qCO_2) do solo em função do manejo (com e sem manejo) e das estações (chuvosa e seca) para as quatro regiões: (a) Pio IX, (b) Serra do Mel, (c) Pacajus e (d) Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada manejo.

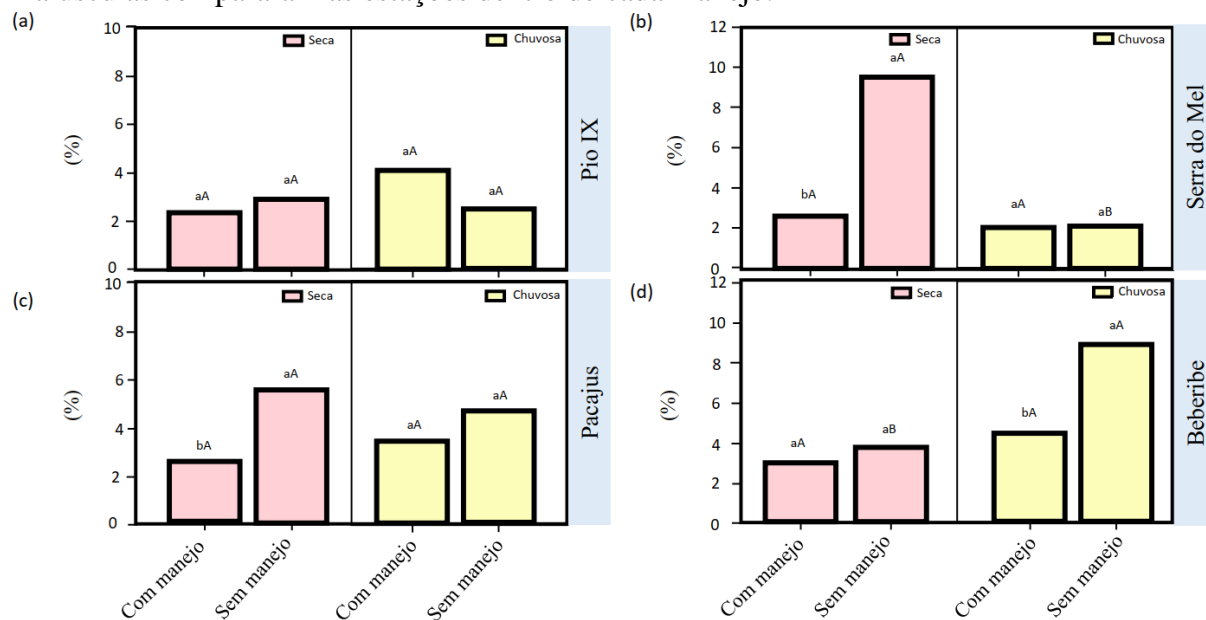


Fonte: Autor.

Já no solo de Pio IX o quociente metabólico (qCO_2) na estação seca foi maior na condição sem manejo do que na condição com manejo (Figura 50a). Por sua vez, no solo de Serra do Mel a diferenciação ocorreu entre estações, de forma que a condição com manejo da estação chuvosa teve maior média de qCO_2 do que a estação seca (Figura 50b). Já as amostras de solo de Beberibe apresentaram maior qCO_2 na estação chuvosa sem manejo do que na estação seca. Além disso, nessa localidade, nas amostras de solo relacionadas a estação chuvosa, o qCO_2 da condição sem manejo superou ao da condição com manejo (Figura 50d).

O quociente microbiano ($qMic$) do solo não apresentou diferenciação seja em relação a estação ou a condição de manejo dentro da região de Pio IX (Figura 51a). Nas amostras associadas à estação seca tanto em Serra do Mel (Figura 51b) quanto em Pacajus (Figura 51c) a condição sem manejo apresentou maior $qMic$ do que a condição com manejo, o que caracteriza ser indício de MO de melhor qualidade (WARDLE, 1994) e que possui uma biomassa que contribui com o maior acúmulo de carbono.

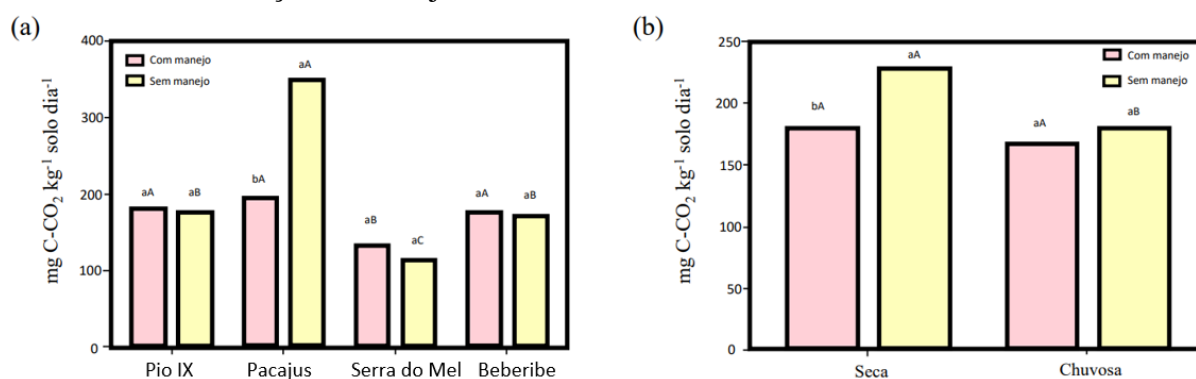
Figura 51 – Quociente microbiano (qMic) do solo em função do manejo (com e sem manejo) e das estações (chuvosa e seca) para as quatro regiões: (a) Pio IX, (b) Serra do Mel, (c) Pacajus e (d) Beberibe. Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada manejo.



Fonte: Autor.

No caso da condição sem manejo, as amostras de Pacajus apresentaram maior RBS do que as de Serra do Mel, Beberibe e Pio IX (Figura 52a). Foi observado que independentemente do local de coleta, o solo associado a condição sem manejo da estação seca teve maior RBS do que o solo com manejo (Figura 52b). Convém mencionar que maior RBS pode estar associada à liberação de nutriente, a curto prazo, ou à perda de COT, a longo prazo (PARKIN *et al.*, 1996).

Figura 52 – Respiração basal do solo (RBS) em função do manejo (com ou sem manejo) e (a) das regiões (Pio IX, Serra do Mel, Pacajus e Beberibe) e (b) da estação (seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Em (a) letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada local e letras maiúsculas compararam os locais dentro de cada condição de manejo. Já em (b) letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada condição de manejo.

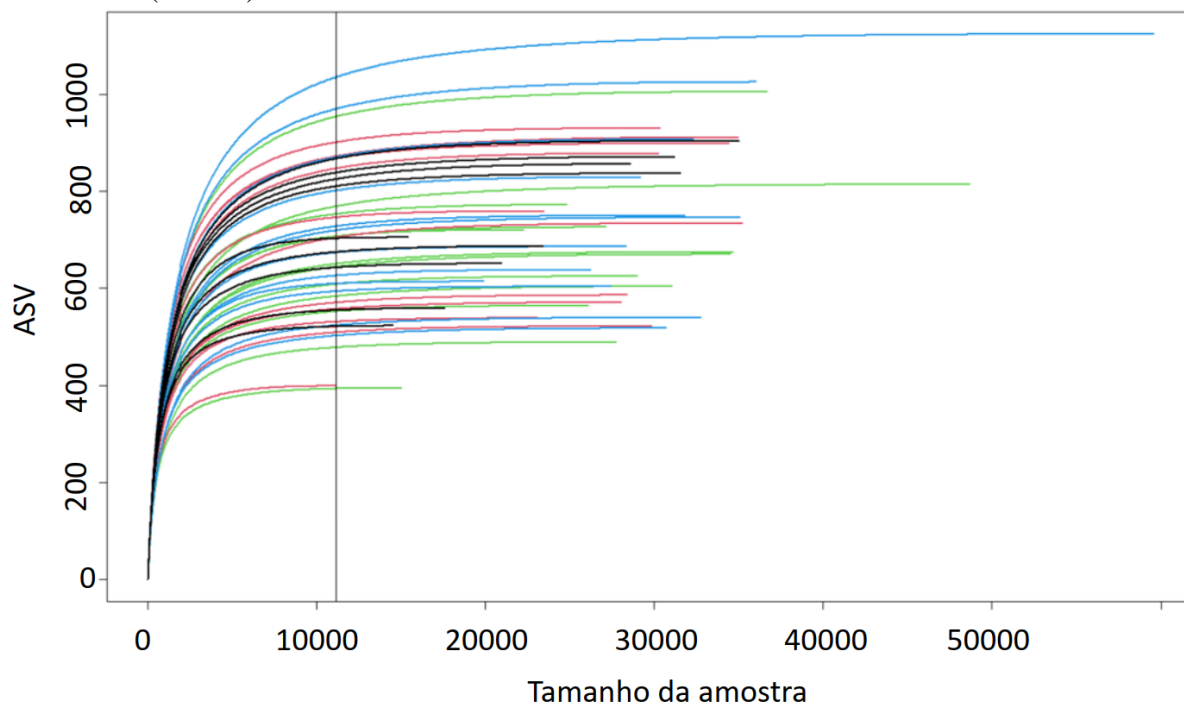


Fonte: Autor.

4.2.2 Rarefação e análise de diversidade microbológica do solo

As curvas de rarefação indicaram relação crescente do número de ASV com o tamanho de amostras, culminando em uma condição de estabilidade (platô). Devido a diferença no tamanho das amostras, foi realizada a rarefação dos dados com base no menor tamanho da amostra (11.187), conforme linha vertical ilustrada (Figura 53). Salienta-se que a rarefação é uma técnica importante para mitigar a dependência dos índices de diversidade em função do tamanho das amostras (SANDEL, 2018).

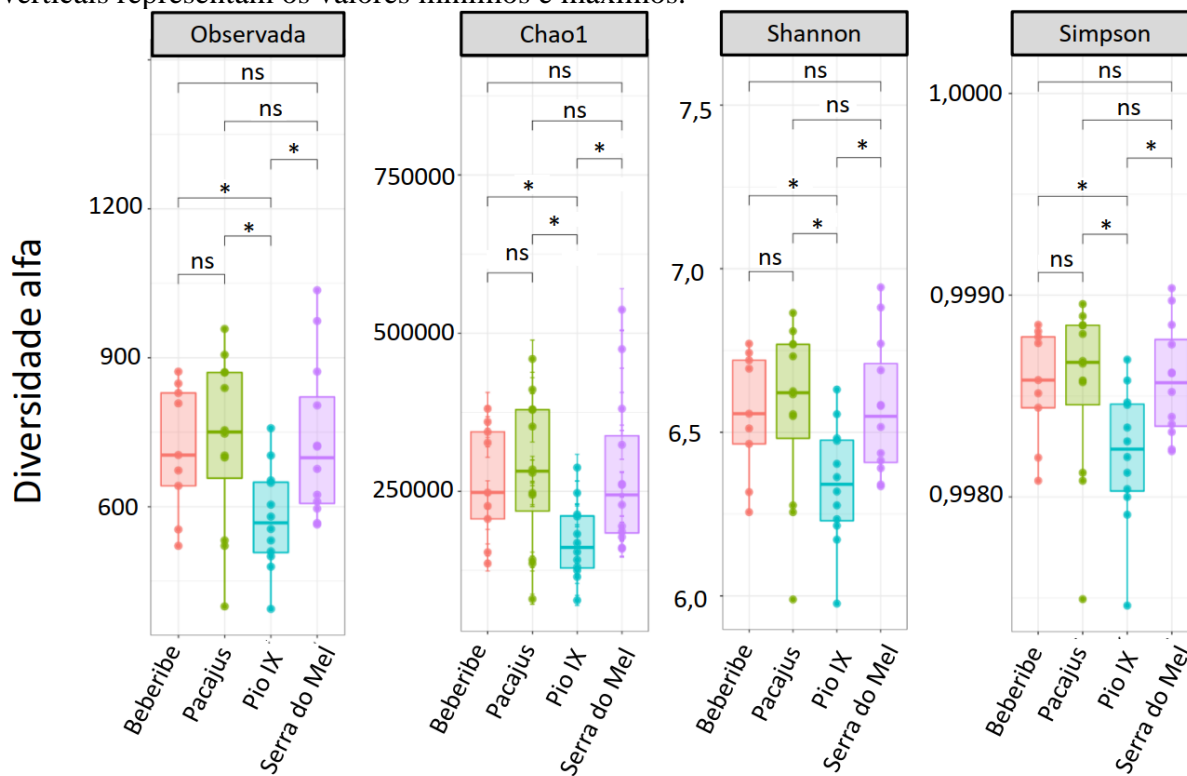
Figura 53 – Curvas de rarefação indicando a profundidade de sequenciamento das amostras de solo com base no tamanho das amostras em função do número de ASV das 45 amostras de solo sequenciadas do Estudo 2. A linha vertical indica a interpolação com base no menor tamanho de amostras (11.187).



Fonte: Autor.

A diversidade alfa (observada, Chao1, Shannon e Simpson) da comunidade microbiana das amostras de solo de Pio IX foi inferior a todos os demais locais de coleta (Figura 54). Entretanto, não houve diferenças de diversidade alfa do microbioma do solo em função do manejo (com ou sem manejo) ou da estação (chuvosa ou seca).

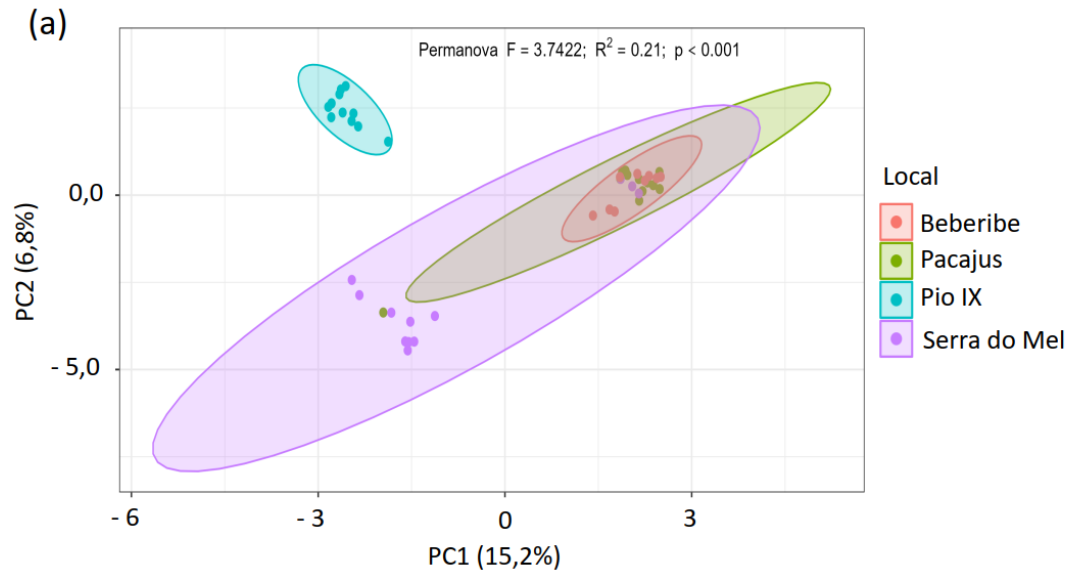
Figura 54 – Diversidade alfa do microbioma associado ao solo cultivado com cajueiros CCP 76 em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). A faixa interquartil é representada pelos limites externos das caixas, a mediana é representada pela linha média e os valores amostrados são representados pelos círculos. As terminações das linhas verticais representam os valores mínimos e máximos.



Fonte: Autor.

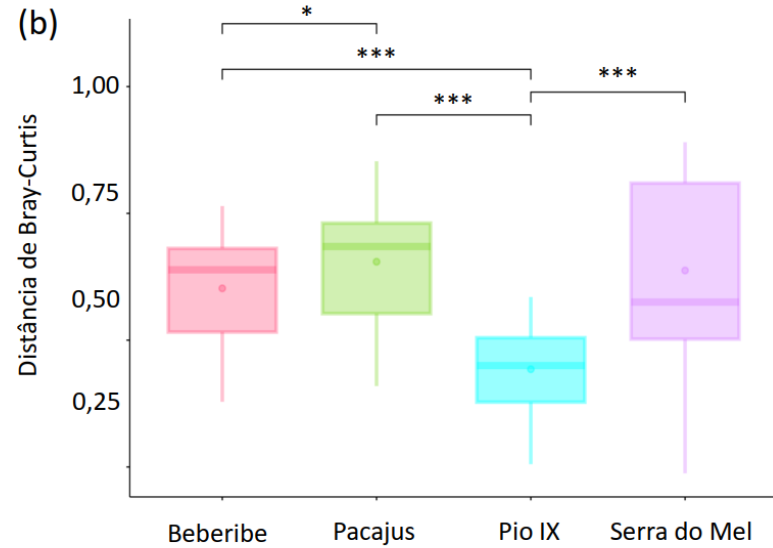
A análise da diversidade beta microbiana, nos dois primeiros componentes principais, explicou 22% da variabilidade dos dados. A Permanova indicou alta variabilidade entre os locais de coleta, com as amostras de Pio IX se concentrando quadrante superior esquerdo (Figura 55a).

Figura 55 – Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros CCP 76, provenientes de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí), coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) e sob duas condições de manejo (com e sem manejo). (a) Gráfico de dispersão dos dois primeiros componentes principais da análise de diversidade beta microbiana do solo, para abundância em nível de ASV, com base na distância euclidiana e análise Permanova entre os locais de coleta; (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis com teste de Wilcoxon entre os locais.



* 5% e *** 0,1% de significância conforme teste de Wilcoxon

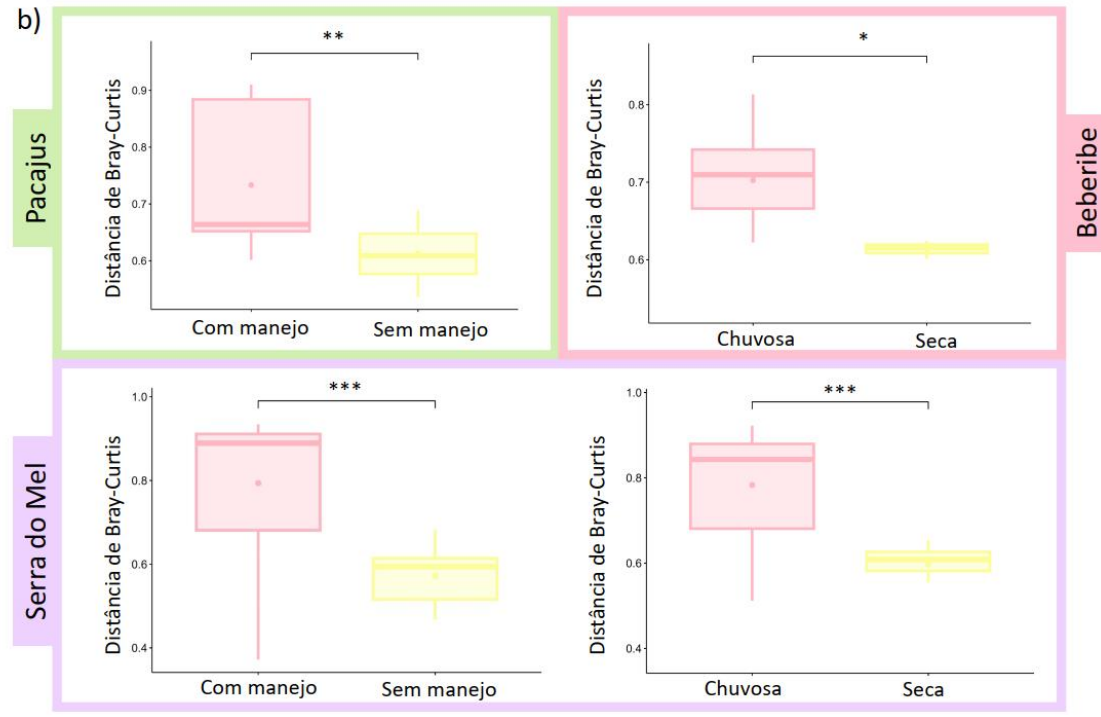
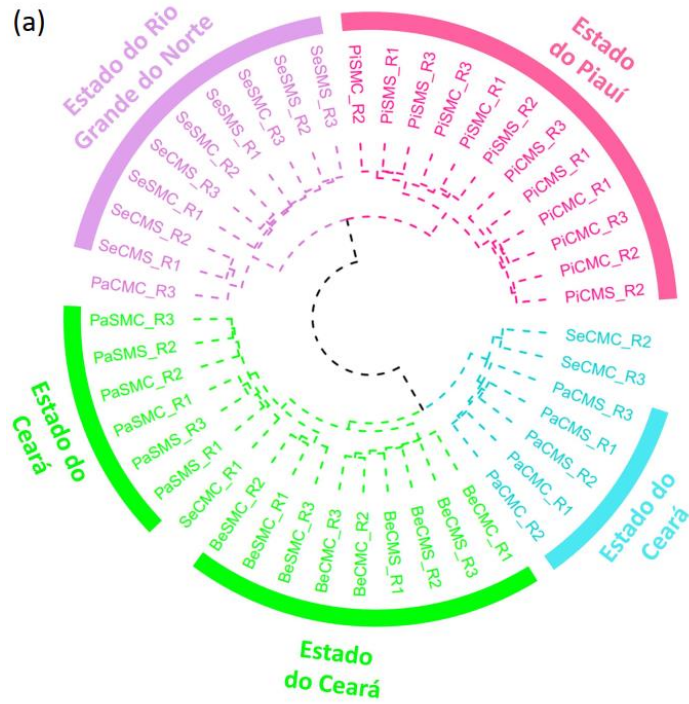
Fonte: Autor.



Entre os locais observa-se diferença da diversidade beta do microbioma associado as amostras de solo de Pio IX, de forma que tal localidade apresentou a menor diversidade microbiana em relação as demais localidades. Foi observada, ainda, diferenciação da diversidade beta entre as amostras de Pacajus e Beberibe (Figura 55b).

No dendrograma observou-se que, além da separação da diversidade microbiana das amostras de solo de Pio IX em relação as demais localidades, houve separação das amostras relativas à diversidade de Pacajus na condição com manejo (PaCMS ou PaCMC) em relação à sem manejo (PaSMS ou PaSMC) (Figura 56a).

Figura 56 –Diversidade beta do microbioma associado às amostras de solo cultivadas com cajueiros dos genótipos CCP 76, provenientes de quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe - Ceará, Pacajus - Ceará, Serra do Mel – Rio Grande do Norte e Pio IX - Piauí), coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) e sob duas condições de manejo (com e sem manejo). (a) Dendrograma de matriz de similaridade euclidiana, destacando os estados respectivos aos locais de coleta. (b) Distribuições das distâncias de Bray-Curtis para diferentes locais com teste de Wilcoxon entre genótipos e entre estações.



Nas regiões de Pacajus e Serra do Mel o microbioma do solo associado a condição com manejo apresentou maior diversidade beta do que o sem manejo (Figura 56b). Estudos relatam alterações na comunidade microbiana em virtude do manejo (CARVALHO *et al.*, 2016; BORA *et al.*, 2022; GUI *et al.*, 2021; TOSI *et al.*, 2020; COLLIER *et al.*, 2019; TROGNITZ *et al.*, 2016). Embora não haja na literatura estudos da comunidade microbiana associada ao solo cultivado com cajueiros, um estudo com a Anacardiaceae, manga (*Mangifera indica*) indicou que o manejo orgânico e o convencional alteraram consideravelmente a comunidade microbiana do solo (KUMAR *et al.*, 2021b).

A análise microbiana da diversidade beta do solo em função do período de coleta indicou que, em Serra do Mel e Pacajus, o solo coletado na estação chuvosa apresentou maior diversidade beta do que o da estação seca (Figura 56b).

4.2.3 Composição taxonômica da comunidade microbiana

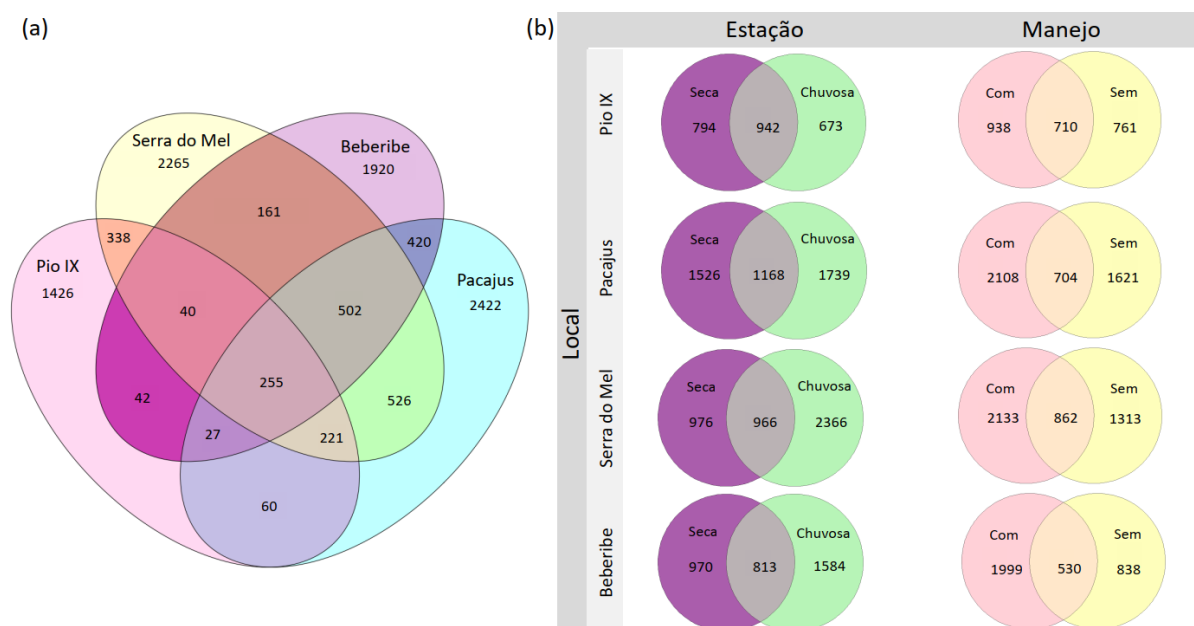
O NGS das 45 amostras analisadas gerou um total de 2,57 milhões de sequências. Dentre as quais, após a filtragem da qualidade e retirada de quimeras restaram aproximadamente 1,29 milhões. As três amostras de solo não analisadas pertenciam a região de Beberibe, associadas ao genótipo CCP 76 e coletadas no período seco (Be76S).

Das amostras analisadas, as AVS identificadas foram relacionadas a taxa referentes a 40 filós, 106 classes, 231 ordens, 291 famílias e 508 gêneros bacterianos. Também foram identificados micro-organismos do reino Archaea, os quais consistiram em 7 filós, 8 classes, 11 ordens, 9 famílias e 8 gêneros.

Foi investigado o padrão de distribuição das ASV do solo em função do local de coleta (Figura 57a), bem como da condição de manejo e da estação em função de cada local (Figura 50b), sendo observadas um total de 10.625 ASV. Destas, o maior número de ASV foi registrado no solo associado à Pacajus (4433), seguido de Serra do Mel (4308), Beberibe (3367) e Pio IX (2409). Com relação ao compartilhamento de ASV entre locais, as amostras de Pacajus e Beberibe compartilharam o maior número (1204), sendo destas 420 ASV compartilhadas apenas entre esses dois locais. Já as amostras de Pio IX compartilharam 854 ASV com as de Serra do Mel, 364 ASV com as de Beberibe e 563 ASV com as de Pacajus. Somente 255 ASV foram compartilhadas nas amostras de solo pertencentes as quatro localidades simultaneamente,

o que corresponde a menos de 11% do total de ASV de qualquer uma dessas regiões e menos de 3% do total de ASV (Figura 57a).

Figura 57 – Diagrama de Venn mostrando a distribuição de ASV entre os locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Pio IX e Serra do Mel) (a) e entre a condição de manejo (com e sem manejo) e a estação (seca e chuvosa) dentro de cada local (b).



Fonte: Autor.

Independentemente do local de coleta, o solo associado a condição com manejo apresentou maior número de ASV. O número de ASV compartilhadas nas amostras de solo das condições com e sem manejo para cada local foi entre 530 a 862 (Figura 57b). O aumento da riqueza microbiana é dependente da profundidade do solo e em profundidades superficiais (0-10 cm) apresenta correlação negativa com a fertilização, mas em profundidades maiores que 50 cm a correlação passa a ser positiva (LIU *et al.*, 2020b). A amostragem do solo de cajueiros desse estudo se deu na profundidade até 40 cm e as amostras com manejo tiveram riqueza cerca de 12, 21, 38 e 85% maior do que as amostras sem manejo, referentes as regiões de Pio IX, Pacajus, Serra do Mel e Beberibe, respectivamente (Figura 57b). O que infere concluir que em solo cultivado com cajueiros em profundidades de até 40 cm o manejo teve correlação positiva com a riqueza microbiana.

Estudos indicam que práticas de manejo que favoreçam a elevação de P e COT, melhoram o padrão de uso da terra e a diversidade bacteriológica (MHETE *et al.* 2020). No presente estudo, a condição com manejo apresentou valores mais elevados de P, Zn, Cu, Ca,

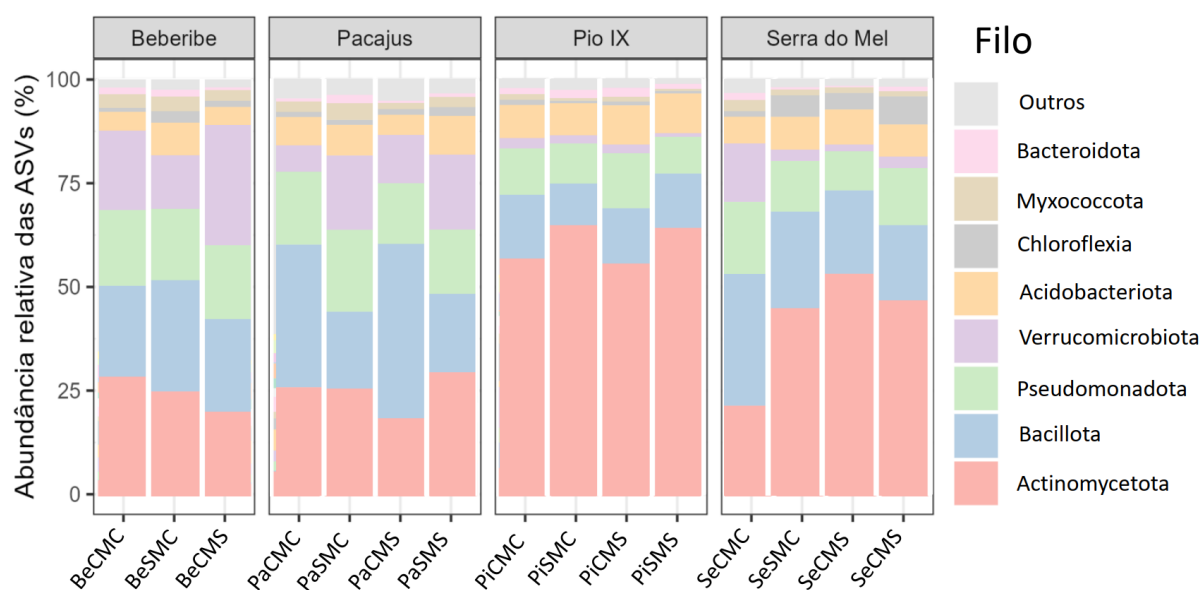
CTCefetiva, θ_{cc} e soma de bases do que a condição sem manejo (Figura 41a), o que pode ter favorecido ao aumento da riqueza das comunidades microbiana do solo, haja vista que solos associados a condição com manejo apresentou maior número de ASV do que os sem manejo (Figura 57b).

Ao comparar os períodos de coleta em função dos locais, observou-se que, exceto para o solo da região de Pio IX, houve maior riqueza microbiana (número de ASV) na estação chuvosa do que na seca. Com destaque para as amostras de Serra do Mel, as quais as coletadas na estação chuvosa apresentou cerca de 70% mais ASV do que as da estação seca. O número de ASV compartilhadas entre as estações foi de 813 no solo associado a Beberibe a 1168 no de Pacajus (Figura 57b).

Dentro dos grupos taxonômicos de filo e classe foram selecionados apenas os que tiveram abundância maior que 5% em pelo menos um dos tratamentos. Assim, obteve-se 8 filós (Actinomycetota, Bacillota, Pseudomonadota, Verrucomicrobiota, Acidobacteriota, Chloroflexia, Myxococcota e Bacteriodota) e 10 classes (Bacilli, Actinomycetota, Thermoleophilia, Alphaproteobacteria, Verrumicrobiae, Terriglobia, Gammaproteobacteria, Ktedonobacteria, Polyangia e Bacteroidia). Nestas análises microbiológicas os grupos com abundância menor que 5% em todos os tratamentos, foram agrupados como "outros".

Ao nível de filo houve semelhança no padrão de abundância do microbioma associado as amostras de Beberibe e Pacajus, contudo o solo de Pacajus apresentou um padrão de abundância do filo Bacillota maior nas amostras da condição com manejo (PaCMC e PaCMS) do que na condição sem manejo (PaSMC e PaSMS) (Figura 58).

Figura 58 – Abundância relativa ao nível filo para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).

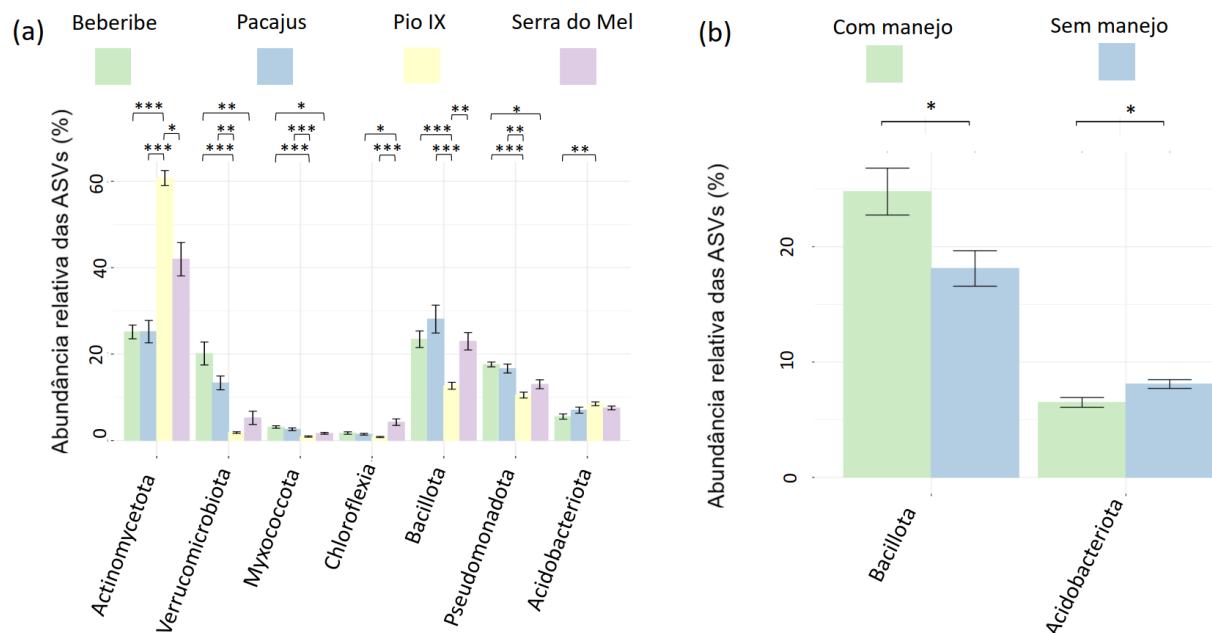


Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Condição de manejo (CM = com manejo e SM = sem manejo); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

Fonte: Autor.

Já o microbioma do solo de Pio IX apresentou maior abundância do filo Actinomycetota e menor do filo Bacillota do que nos demais locais de coleta (Figura 59a). Enquanto o padrão de abundância do microbioma relacionado as amostras de Serra do Mel foi, de certa forma, intermediário entre o de Pio IX e o de Pacajus/Beberibe (Figura 58). Por sua vez, o microbioma do solo associado a Beberibe teve maior abundância de Verrucomicrobiota, Proteobacteriota e Myxococcota do que o de Pio IX e o de Serra do Mel. Além disso, o filo Chloroflexia foi mais abundante nas amostras de solo de Serra do Mel do que nas de Pio IX e de Beberibe. Já o filo Acidobacteriota foi mais abundante no solo de Pio IX do que no de Beberibe (Figura 59a).

Figura 59 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível filo de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo).



*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$

Fonte: Autor.

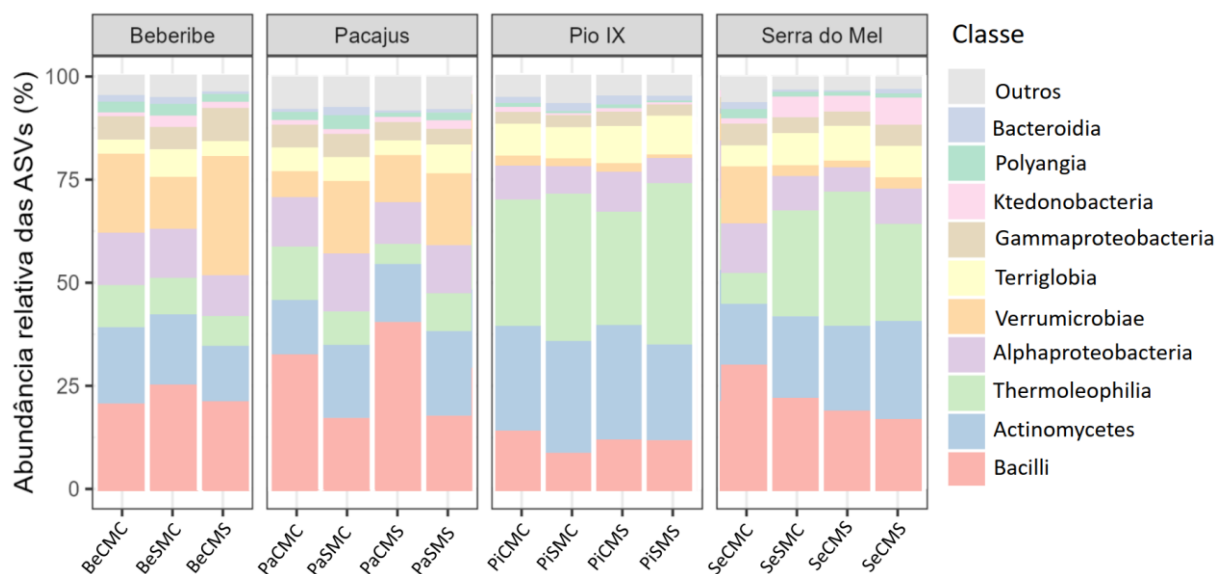
Observou-se que Actinobactéria foi mais abundante nas amostras de solo de Pio IX e Serra do Mel (Figura 59a), as quais o pH é mais ácido (entre 4,5 a 5,0) (Figura 47), corroborando com WANG *et al.* (2022) que citou que actinobactérias tem sua abundância reduzida de 32,94% para 27,82% com o aumento da faixa de pH de 4-5 para 6-7.

O microbioma do solo associado a condição com manejo afetou significativamente apenas dois filis, dentre os de abundância maior que 5%, entre estes o Bacillota, que foi superior na condição manejada do que na sem manejo, ao contrário do que ocorreu com o Acidobacteriota (Figura 59b). Embora existam relatos de Bacillota com características oligotróficas (WANG *et al.*, 2021), este filo é comumente associado a ambientes com características copiotróficas (YOU *et al.*, 2023; HOU *et al.*, 2022; PATHAN *et al.*, 2021), o que justifica ter sido mais abundante no solo associado a condição com manejo de Pacajus, onde houve indícios de maior fertilidade (Figura 40).

Ao nível de classe não foi observado um padrão de semelhança na abundância microbiológica do solo em relação aos locais de procedência das amostras. No solo de Pacajus houve diferença de abundância entre as amostras associadas às condições com e sem manejo.

Nesse local, as amostras de solo na condição com manejo (PaCMC e PaCMS) apresentaram padrão de maior abundância da classe Bacilli e menor da classe Verrumicrobiae do que as amostras associadas à condição sem manejo (PaSMS e PaSMC) (Figura 60).

Figura 60 – Abundância relativa ao nível classe para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).



Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Condição de manejo (CM = com manejo e SM = sem manejo); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

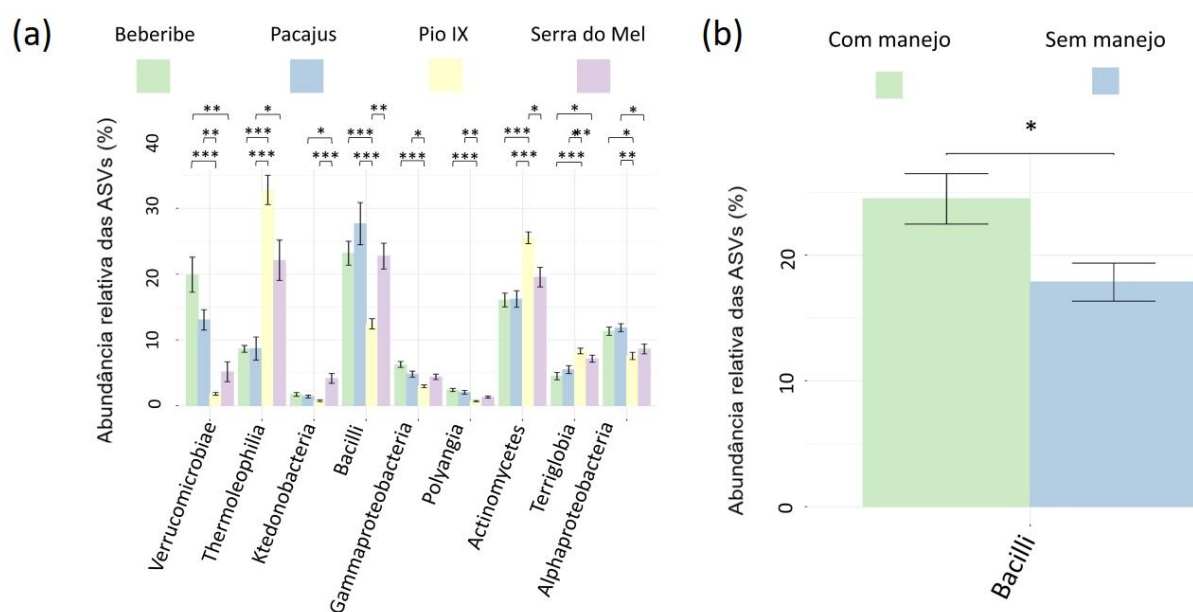
Fonte: Autor.

Já nas amostras de Pio IX as classes Actinomycetota e Thermoleophilia foram mais abundantes do que as amostras das regiões de Pacajus e Beberibe. Por sua vez, as amostras de solo de Serra do Mel na condição com manejo coletada no período chuvoso (SeCMC) apresentou padrão de abundância das classes microbianas do solo semelhante ao do solo de Pacajus na condição com manejo. Contudo, nas demais amostras de Serra do Mel o padrão diferiu do anterior, principalmente pela menor abundância da classe Bacilli e maior da Verrumicrobiae, desta forma apresentando padrão de abundância semelhante ao do solo de Pio IX (Figura 60).

Nove das classes mais abundantes deste estudo tiveram diferenças entre os locais de coleta (Figura 52b). As classes Thermoleophilia e Actinomycetota, foram mais abundantes nos solos de Pio IX do que nas demais regiões, o oposto foi verificado com a classe Bacilli. Já

a Verrucomicrobiae teve maior abundância nos solos de Beberibe do que nos de Pio IX e de Serra do Mel. Por sua vez, a Alphaproteobactéria foi mais abundante nas amostras relacionadas a Pacajus do que nas de Pio IX e de Serra do Mel. E ainda, as classes Gammaproteobacteria e Polyangia apresentaram baixa abundância, sendo menor nas amostras de Pio IX do que nas de Pacajus ou Beberibe. Já a abundância da classe Ktedonobacteria foi maior nas amostras de Serra do Mel do que nas de Pio IX e Pacajus. Por sua vez, nas amostras de solo de Pio IX e Serra do Mel a abundância da classe Terriglobia foi maior do que nas de Beberibe (Figura 61a).

Figura 61 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível classe de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo).



*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; *** $p < 0,001$

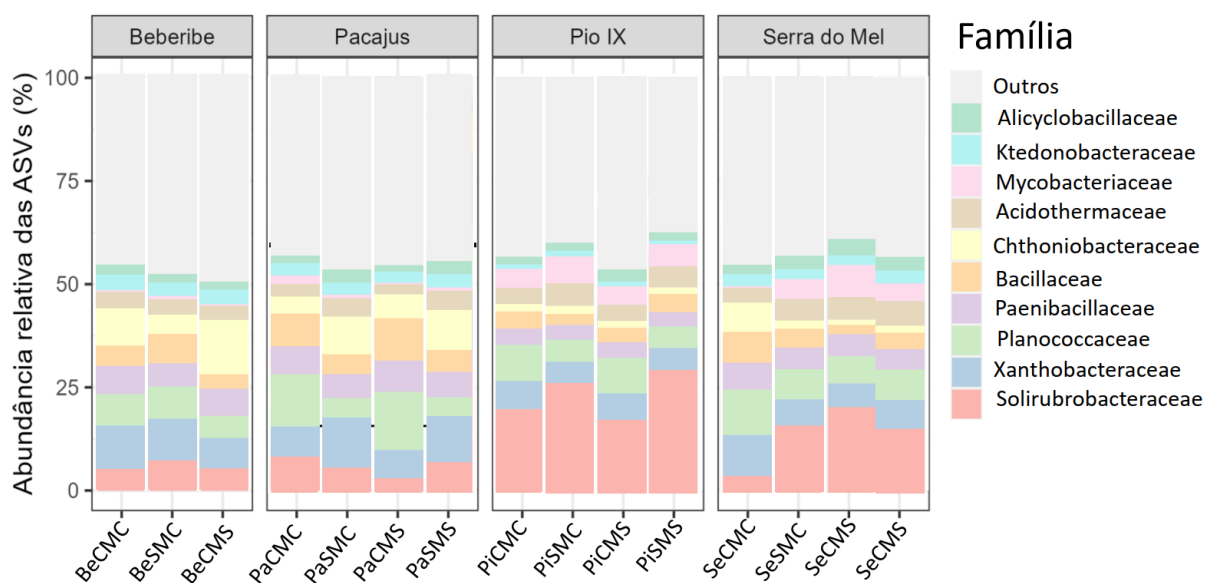
Fonte: Autor.

Somente a classe Bacilli apresentou diferença em função das condições de manejo, tendo abundância maior nas amostras de solo relacionadas a condição manejada (Figura 61b).

Com relação aos níveis de família e gênero, optou-se por selecionar os 10 mais abundantes de cada um desses grupos taxonômicos, sendo calculadas as abundâncias relativas a estes e agrupado como “outros” de todos os demais grupos com abundância menor que os 10 mais abundantes de cada táxon.

As 10 famílias mais abundantes foram, respectivamente, Solirubrobacteraceae, Xanthobacteraceae, Planococcaceae, Paenibacillaceae, Bacillaceae, Chthoniobacteraceae, Acidothermaceae, Mycobacteriaceae, Ktedonobacteraceae e Alicyclobacillaceae, e corresponderam a mais de 50% das ASV identificadas (Figura 62).

Figura 62 – Abundância relativa ao nível família para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).

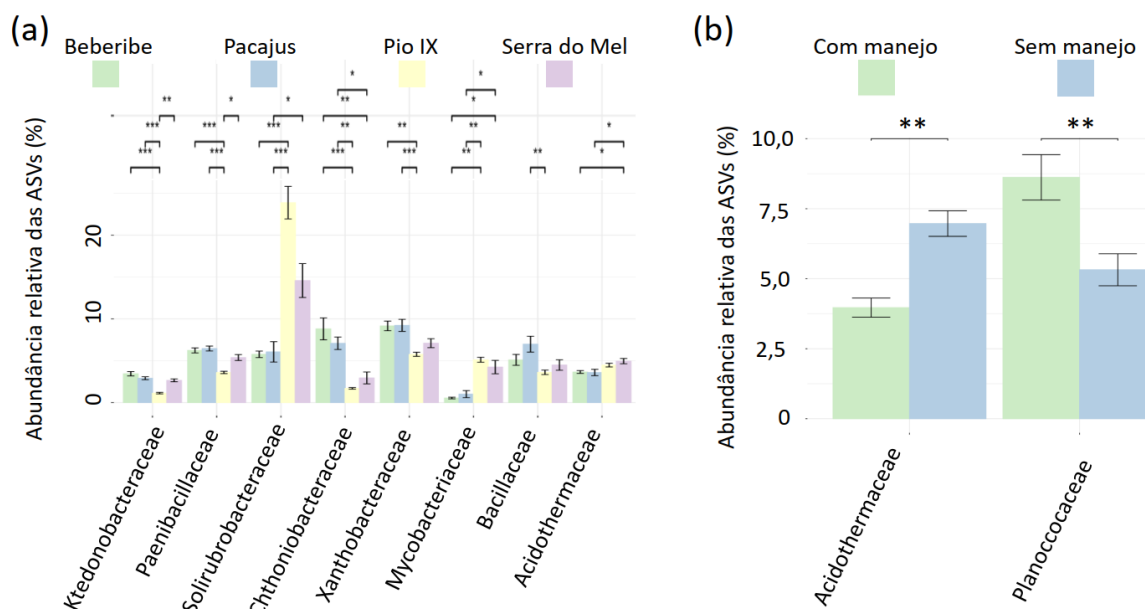


Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Condição de manejo (CM = com manejo e SM = sem manejo); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

Fonte: Autor.

Observou-se que o padrão de abundância do microbioma do solo ao nível de família para as amostras de Pio IX foi diferente do das demais localidades de coleta. Nas amostras de solo relacionadas a esse local houve maior abundância de micro-organismos da família Solirubrobacteraceae do que nas demais regiões (Figura 63a). Já a microbiota do solo de Pacajus teve um padrão de abundância, ao nível de família, distinto com relação as condições com manejo e sem manejo. De forma que, nesta região, as amostras com manejo (PaCMC e PaCMS) apresentaram padrão de maior abundância da família Planococcaceae e menor da família Chthoniobacteraceae do que as amostras na condição sem manejo (PaSMS e PaSMC). Já nas amostras de solo associadas à Beberibe o padrão de abundância de Chthoniobacteraceae foi maior nas amostras sem manejo do que nas com manejo (Figura 63a).

Figura 63 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível família de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a) dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo).



*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$

Fonte: Autor.

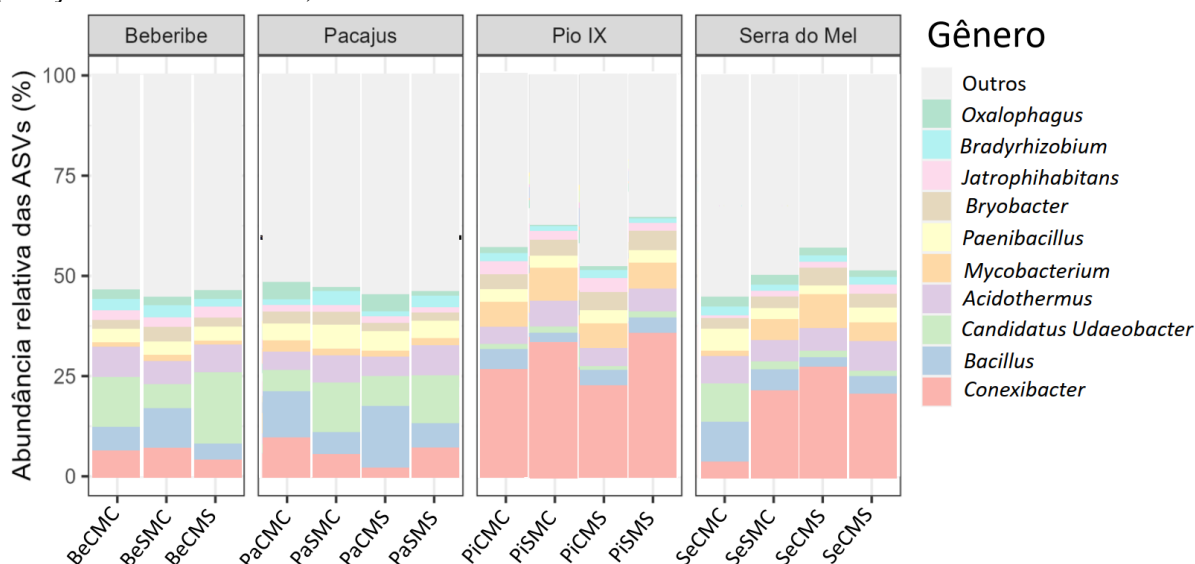
Assim como ocorreu para os filos e classes, o solo de Serra do Mel também apresentou um padrão de abundância, ao nível de família, distinto ao das demais regiões, com as amostras da condição com manejo coletadas no período chuvoso (SeCMC) indicando um padrão de abundância próximo ao das amostras de Pacajus na condição com manejo (PaCMS e PaCMC) (Figura 62).

A abundância de 8 das 10 famílias mais abundantes neste estudo, indicaram diferenças entre os locais de coleta das amostras. O solo de Pio IX, destacou-se pela maior abundância de Solirubrobacteraceae (filo Actinomycetota) do que nas demais localidades. O oposto foi observado para as abundâncias das famílias Ktedonobacteraceae (filo Chloroflexia) e Paenibacillaceae (filo Bacillota). As famílias mais abundantes presentes nos solos cultivados com cajueiros CCP 76 das localidades de Beberibe e em Pacajus foram a Chthoniobacteraceae e a Xanthobacteraceae, cujas abundância em ambas as regiões superaram às das demais regiões. Já nas amostras de solo de Serra do Mel, as maiores abundâncias foram para as famílias Solirubrobacteraceae e Xanthobacteraceae (Figura 63a).

Não foram observadas distinção com relação às estações (chuvosa ou seca) em nenhuma família. Contudo, a Acidothermaceae e a Planococcaceae diferiram em função da condição de manejo (com e sem manejo). Assim, nas amostras de solo coletadas na condição sem manejo o padrão de abundância de Acidothermaceae foi maior do que nas amostras sem manejo, fato oposto ao observado para a abundância da família Planococcaceae (Figura 63b).

Dos mais de 500 gêneros bacterianos identificados neste estudo, os 10 mais abundantes foram responsáveis por cerca de 50% da abundância total (Figura 64).

Figura 64 – Abundância relativa ao nível gênero para micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa).



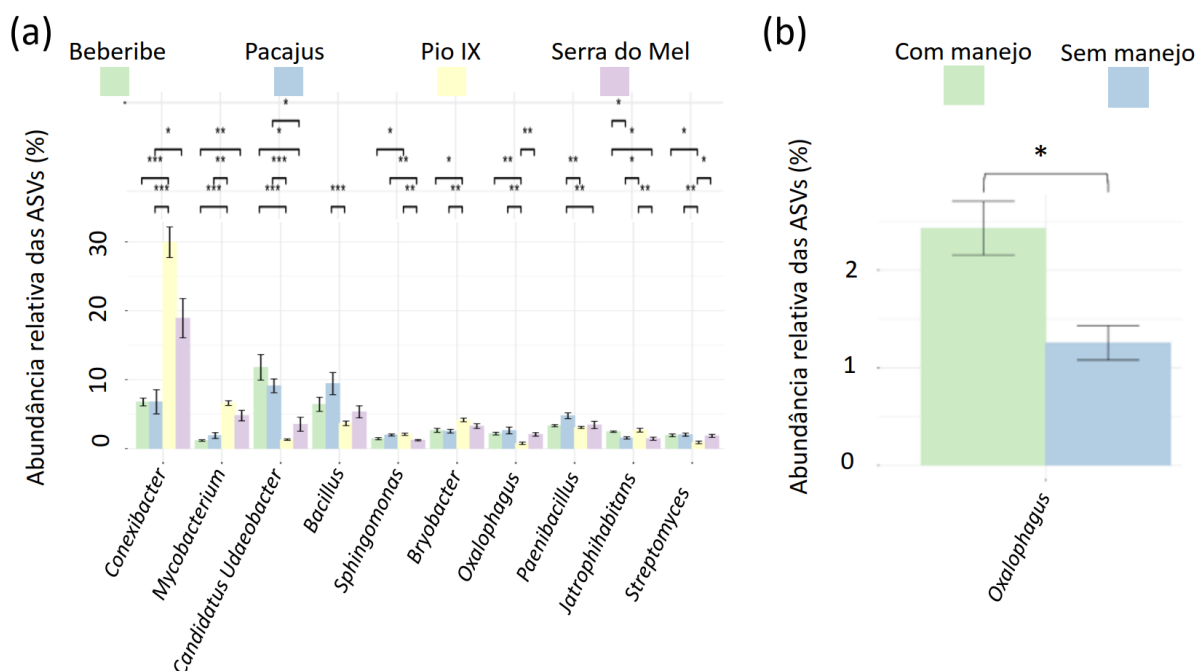
Nomeclatura das amostras: XxYyK, onde Xx = local de coleta (Pi = Piauí, Se = Serra do Mel, Be = Beberibe, Pa = Pacajus); Yy = Condição de manejo (CM = com manejo e SM = sem manejo); K = Período de coleta da amostra de solo (S = estação seca e C = estação chuvosa)

Fonte: Autor.

O gênero *Conexibacter* foi responsável por quase 25% da abundância de todos os gêneros nas amostras de solo de Pio IX, sendo bastante abundante, também, nas amostras de solo associadas à Serra do Mel (Figura 64). Em contra-partida, *Candidatus Udaeobacter* apresentou abundâncias mais elevadas nos solos de Beberibe e de Pacajus do que nos de Pio IX e de Serra do Mel (Figura 65a).

Figura 65 – Teste de Kruskal-Wallis com post-hoc de Dunn ($p < 0,05$) para abundância relativa ao nível gênero de micro-organismos de solos cultivados com cajueiros CCP 76 em função (a)

dos locais de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e (b) da condição de manejo (com e sem manejo).



*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$

Fonte: Autor.

O gênero *Oxalophagus* apresentou a menor abundância no solo de Pio IX (Figura 65a) e foi o único que diferiu com relação ao manejo, sendo maior nas amostras de solo da condição com manejo (Figura 65b).

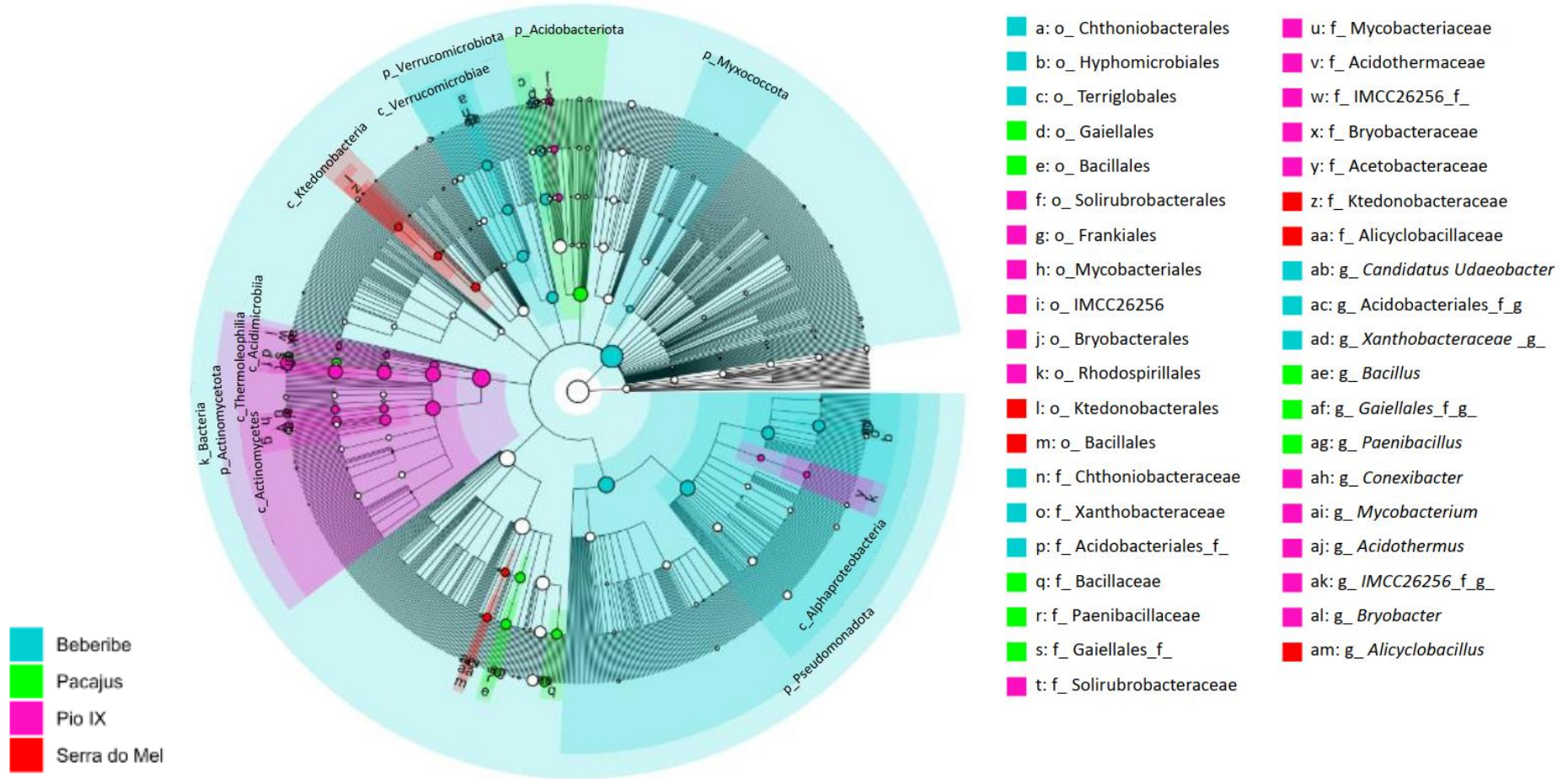
Assim como para os demais níveis taxonômicos, não houve diferença entre as estações (seca e chuvosa).

Bacillus é um dos gêneros mais predominantes dos solos, que a depender da cepa, exerce diversas funções (SAXENA *et al.*, 2019). Dentre as principais funções de algumas cepas desse gênero relacionadas ao crescimento vegetal estão: fixação de nitrogênio, solubilização e mineralização de fósforo e outros nutrientes, tolerância a estresses abióticos, produção de fitohormônios e de sideróforos, entre outros (GOSWAMI *et al.*, 2016).

A análise linear discriminante (LDA) do tamanho do efeito (LEfSe) foi realizada para comparar a riqueza de ASV no microbioma dos diferentes locais, considerando a abundância relativa das taxa. Assim, foram identificados grupos taxonômicos bacterianos associados às amostras de cada localidade.

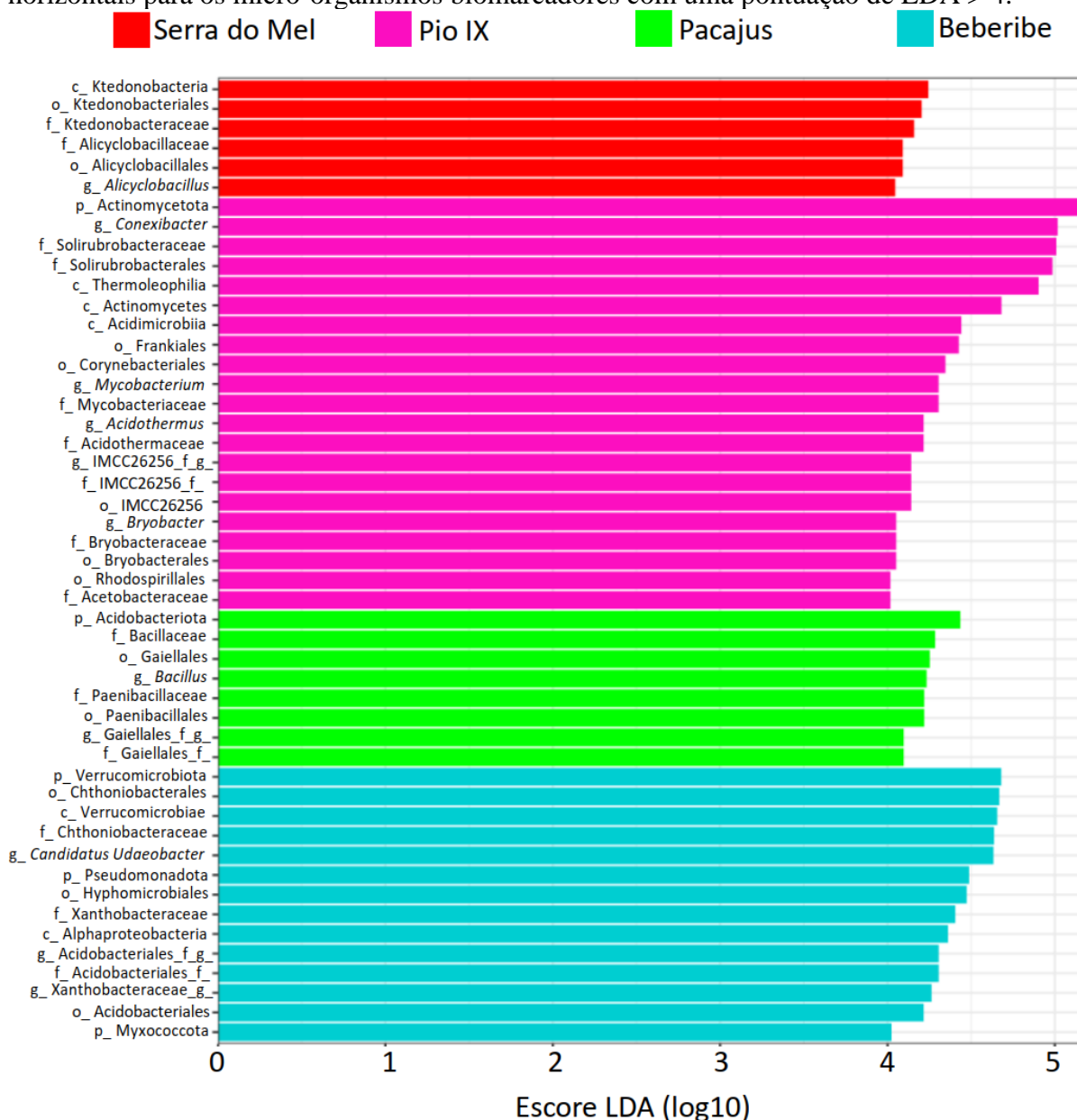
O microbioma associado ao solo de Serra do Mel foi enriquecido por bactérias da família Ktedonobacteraceae (filo Chloroflexia) e Alicyclobacillaceae (filo Bacillota). Por sua vez, as amostras de solo de Pio IX foram enriquecidas por micro-organismos do filo Actinomycetota, principalmente dos gêneros *Conexibacter* e *Acidothermus*. Já no solo de Pacajus houve enriquecimento pelo filo Acidobacteriota, mas também por micro-organismos da família Bacillaceae (filo Bacillota). Enquanto as amostras de solo de Beberibe foram enriquecidas por Pseudomonadota e Verrucomicrobiota, em especial, do gênero *Candidatus Udaeobacter* (Figura 66a, b).

Figura 66 – Cladograma baseado em LEfSe de identificação de grupos taxonômicos microbianos de amostras de solo cultivadas com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) em função das regiões de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). Círculos concêntricos irradiando de dentro para fora representam níveis taxonômicos do reino para nível de gênero. Cada círculo fechado menor, nos diferentes níveis taxonômicos representa uma unidade taxonômica e o diâmetro do círculo é proporcional à abundância relativa da taxa.



Fonte: Autor.

Figura 67 –Pontuações LDA de grupos microbianos biomarcadores provenientes de amostras de solo cultivadas com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa) em função das regiões de coleta (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX). As pontuações de LDA são mostradas como barras horizontais para os micro-organismos biomarcadores com uma pontuação de LDA > 4.



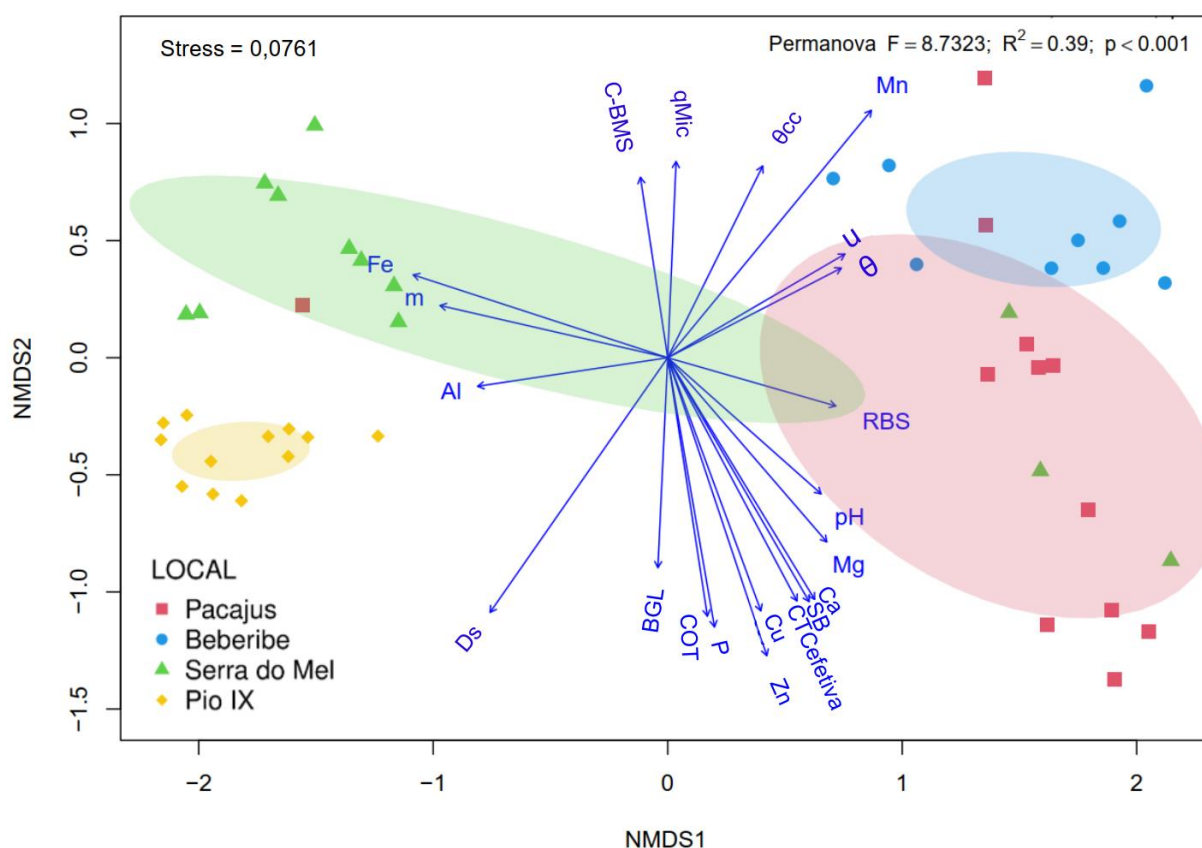
Fonte: Autor

4.2.4 Mudanças na estrutura da comunidade microbiana do solo

A NMDS indicou diferença ecológica entre as regiões. O stress foi mensurado em 0,0761. No NMDS, os dados referentes às amostras de solo de Pio IX foram agrupados em região distinta das demais localidades. A maioria das amostras de Serra do Mel ficaram

próximas a Pio IX, considerando o eixo NMDS1. As amostras de Pacajus divergiram das de Beberibe pelo eixo NMDS2, enquanto as amostras de Pacajus e Beberibe divergiram das de Pio IX e de Serra do Mel pelo NMDS1 (Figura 68).

Figura 68 – Escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) de comunidades microbianas amostras de solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As elipses com preenchimento e as cores representam o agrupamento com base nos locais. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos NMDS.



Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo, BGL = atividade da β -glicosidade, qMic = quociente microbiano do solo, RBS = respiração basal do solo, C-BMS = carbono da biomassa microbiana do solo.

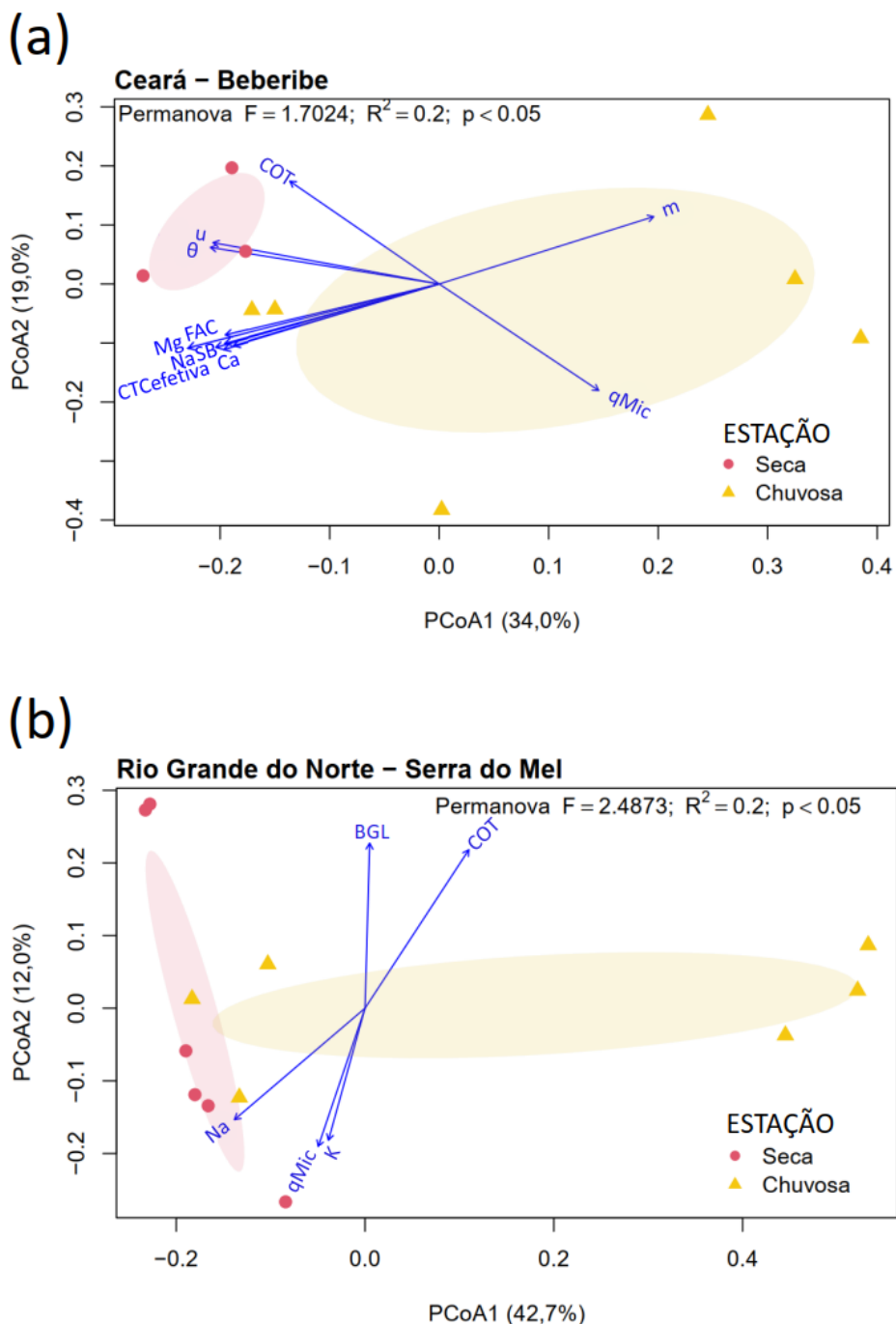
Fonte: Autor.

Diversas variáveis ambientais analisadas indicaram diferenças de forma influenciar a microbiota desses locais. Entre essas variáveis podemos citar: os teores de Al, Fe, Mn, Mg, Ca, P, Cu e Zn, bem como a CTC efetiva, SB, θ_{cc} , COT, m, Ds, pH, u, θ , BGL, C-BMS, qMic e RBS (Figura 68).

As amostras associadas ao solo de Pio IX foram caracterizadas por maiores teores de Al. Já as amostras de solo de Serra do Mel tiveram ordenação com forte influência do teor de Fe e de m. Por sua vez, o solo de Pacajus, embora com ordenação das amostras um pouco mais dispersa, as amostras mais próximas da ordenação de Beberibe indicaram maior influência da umidade e as amostras mais isoladas, no canto inferior direito, tiveram maior influência do pH, Mg, Ca e SB (Figura 68).

Apenas a microbiota do solo de duas regiões (Beberibe e Serra do Mel) apresentaram distinções entre a estação seca da chuvosa (Figura 69). Os dois primeiros eixos da PCoA explicaram 53,0% e 54,7% das variações para as amostras de Beberibe e Serra do Mel, respectivamente. Neste contexto, o COT, u, θ , FAC, Mg, Na, SB, CTCefetiva, Ca, qMic e m foram as variáveis ambientais que mais contribuíram para a ordenação dos dados das amostras de solo em função das estações em Beberibe (Figura 69a). Já nas amostras de Serra do Mel os destacou-se as variáveis COT, BGL, qMic, K e Na (Figura 69b).

Figura 69 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função dos períodos de coleta (estações seca e chuvosa). As elipses e as cores representam o agrupamento com base nos genótipos. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.

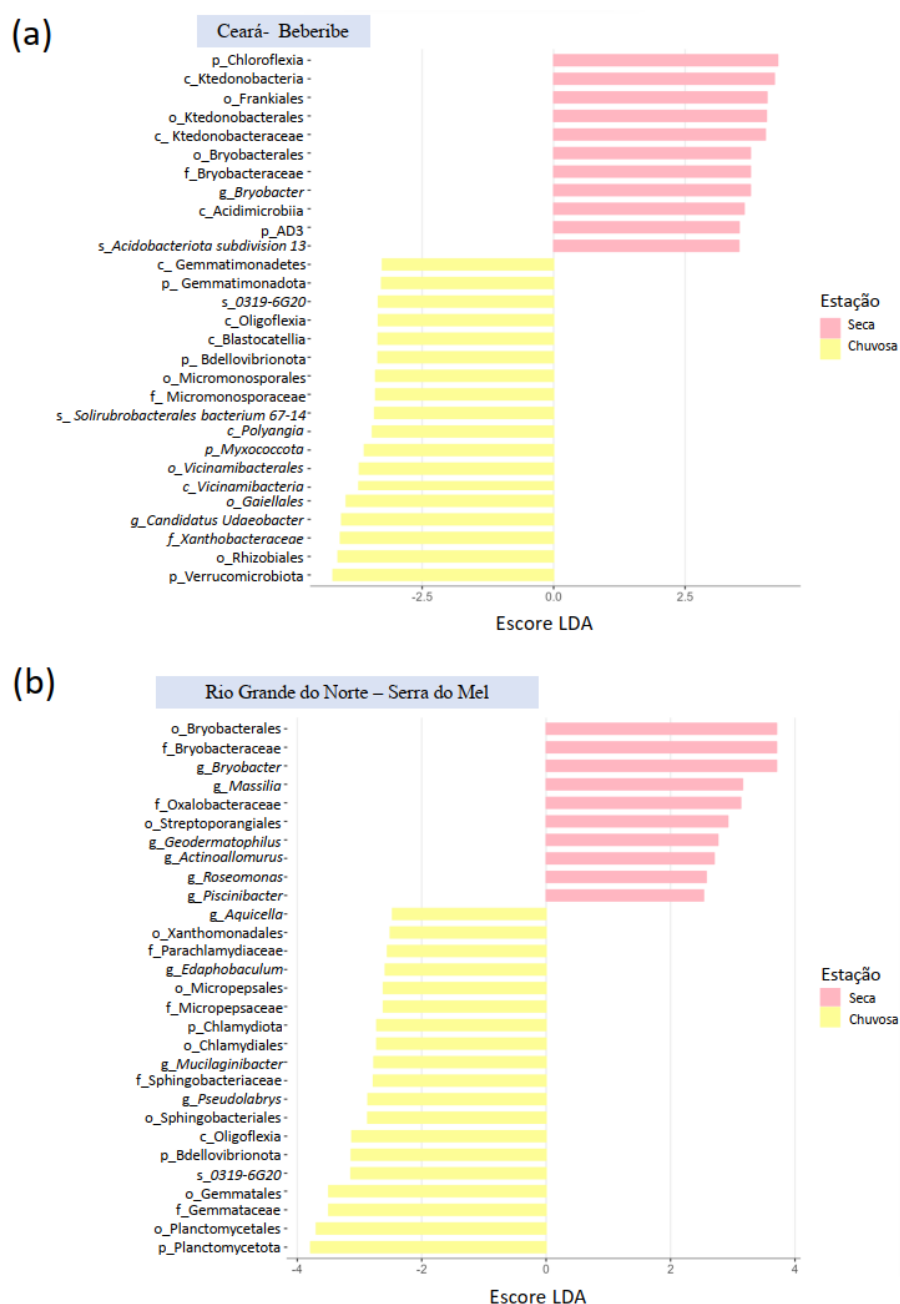


Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo, ARS = atividade da arilsulfatase, BGL = atividade da β -glicosidade, FAC = atividade da fosfatase ácida, FAL = atividade da fosfatase alcalina, RBS = respirometria basal do solo, C-BMS = carbono da biomassa microbiana do solo, qMic = quociente microbiano do solo, qCO₂ = quociente metabólico do solo.

Fonte: Autor.

A LEfSe indicou que microbiota do solo de Serra do Mel foi enriquecida por micro-organismos do filo Verrucomicrobiota e Chloroflexia, para as estações chuvosa e seca, respectivamente (Figura 70b). Já para o solo de Beberibe destacou-se o enriquecimento de Verrucomicrobiota na estação seca e de micro-organismos associados ao Actinomycetota e Bacillota na estação chuvosa (Figura 70a).

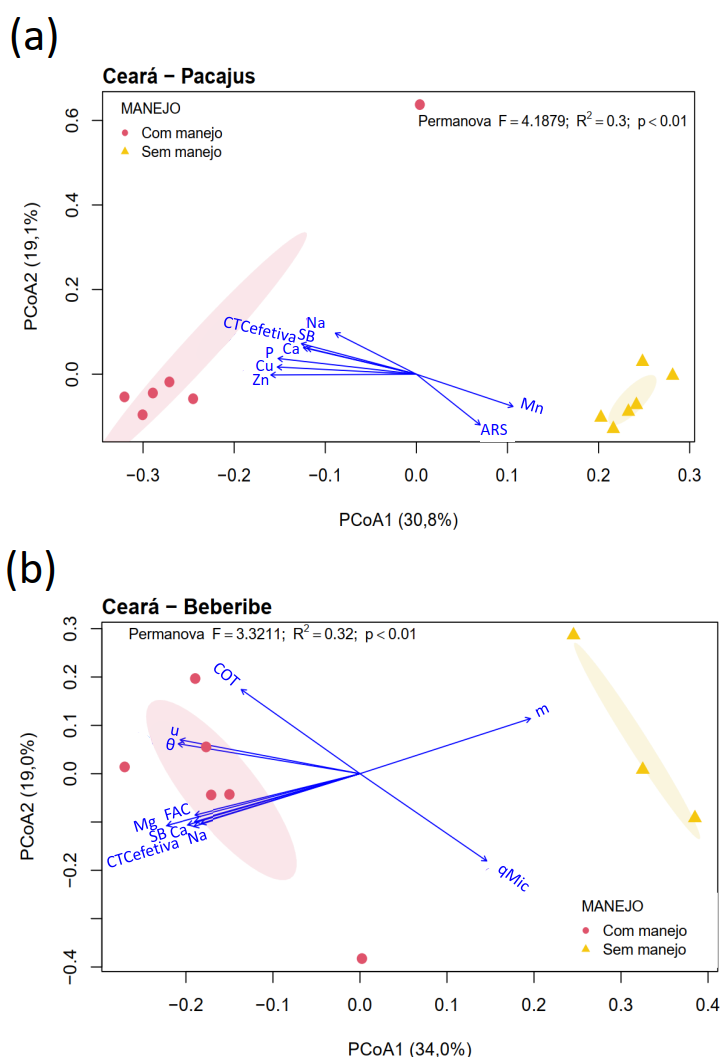
Figura 70 - Análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) aplicada a amostras de solo cultivado com cajueiros das regiões ((a) Pio IX, (b) Beberibe) e em função das estações (seca e chuvosa).



Fonte: Autor.

As amostras de todos os locais, exceto as de Serra do Mel, tiveram diferenciação entre as condições com e sem manejo (Figuras 70 e 71).

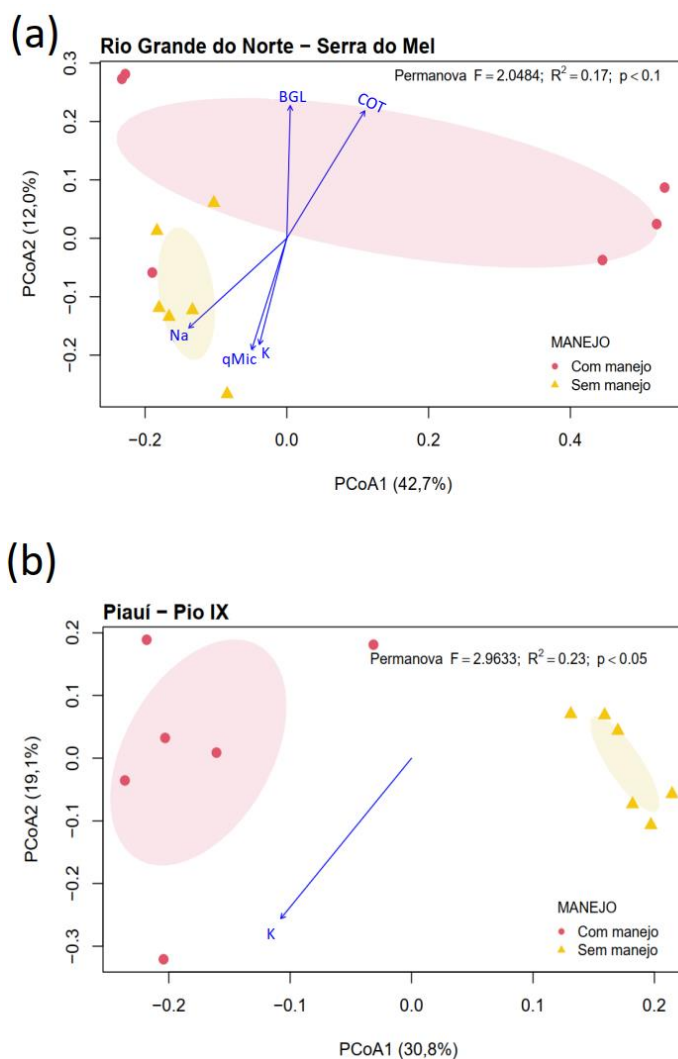
Figura 71 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Pacajus e (b) Beberibe. As elipses e as cores representam o agrupamento com base na condição de manejo. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.



Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo, ARS = atividade da arilsulfatase, BGL = atividade da β -glicosidade, FAC = atividade da fosfatase ácida, FAL = atividade da fosfatase alcalina, RBS = respirometria basal do solo, C-BMS = carbono da biomassa microbiana do solo, qMic = quociente microbiano do solo, qCO₂ = quociente metabólico do solo.

Fonte: Autor.

Figura 72 – Análise de coordenadas principais (PCoA) aplicadas ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Serra do Mel e (b) Pio IX. As elipses e as cores representam o agrupamento com base na condição de manejo. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis explicativas que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.



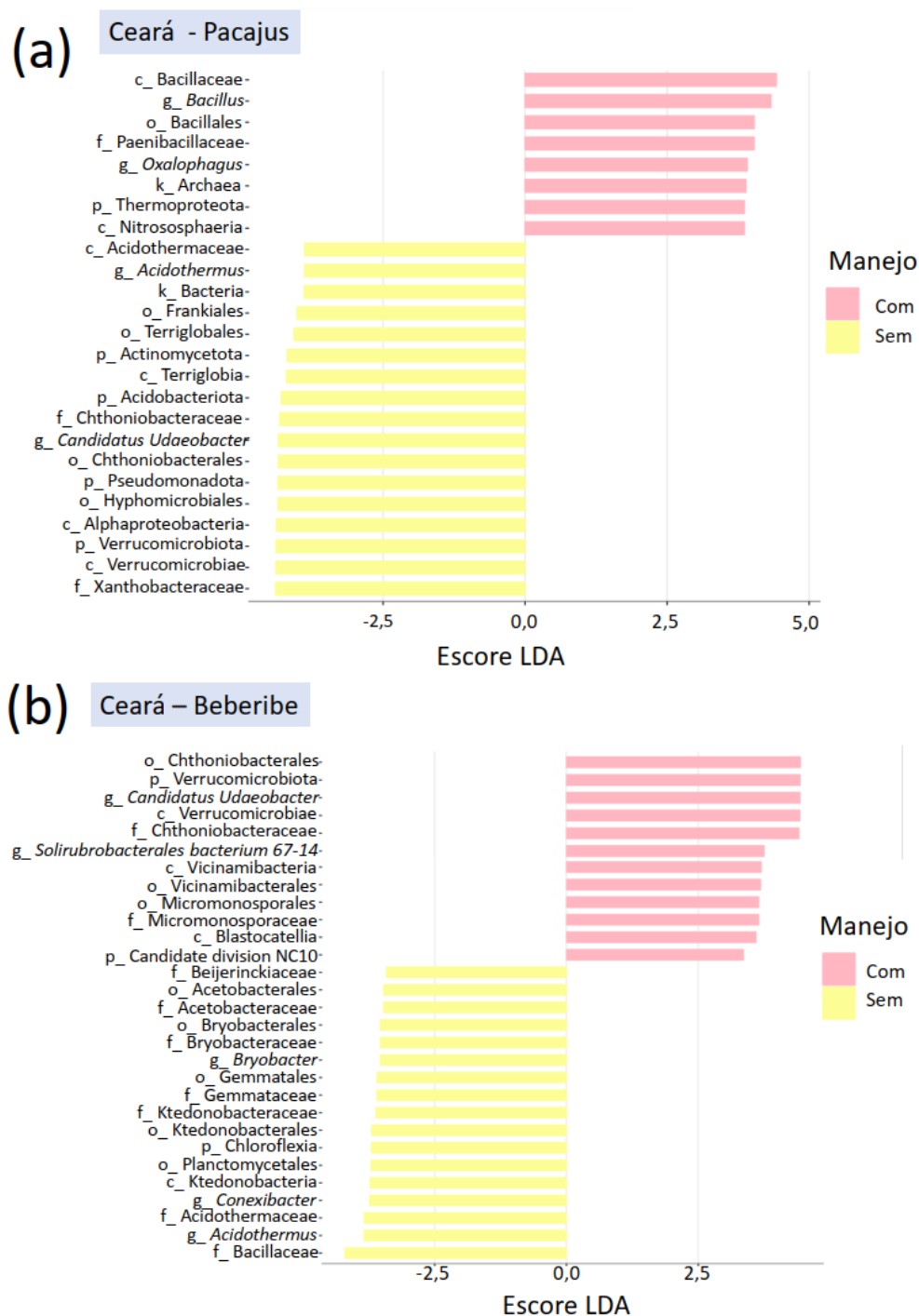
Ca = teor de cálcio, Mg = teor de magnésio, Na = teor de sódio, Fe = teor de ferro, COT = carbono orgânico total do solo, pH = potencial hidrogeniônico, Al = teor de alumínio, P = teor de fósforo, K = teor de potássio, Zn = teor de zinco, Mn = teor de manganês, SB = soma de bases, CTCefetiva = capacidade de troca catiônica efetiva, m = saturação por alumínio, Cu = teor de cobre, Ds = densidade do solo, u = umidade gravimétrica, θ = umidade volumétrica, θ_{cc} = capacidade de campo, ARS = atividade da arilsulfatase, BGL = atividade da β -glicosidade, FAC = atividade da fosfatase ácida, FAL = atividade da fosfatase alcalina, RBS = respirometria basal do solo, C-BMS = carbono da biomassa microbiana do solo, qMic = quociente microbiano do solo, qCO₂ = quociente metabólico do solo.

Fonte: Autor.

Nas amostras de solo de Beberibe, os dois primeiros eixos do PCoA explicaram 53% dos dados relativos a ordenação em função das variáveis ambientais e do manejo. As amostras sem manejo indicaram maior influência da saturação por alumínio (m) e do qMic. Enquanto as amostras com manejo foram mais influenciadas pelo COT, u, θ , FAC, Mg, Ca, SB,

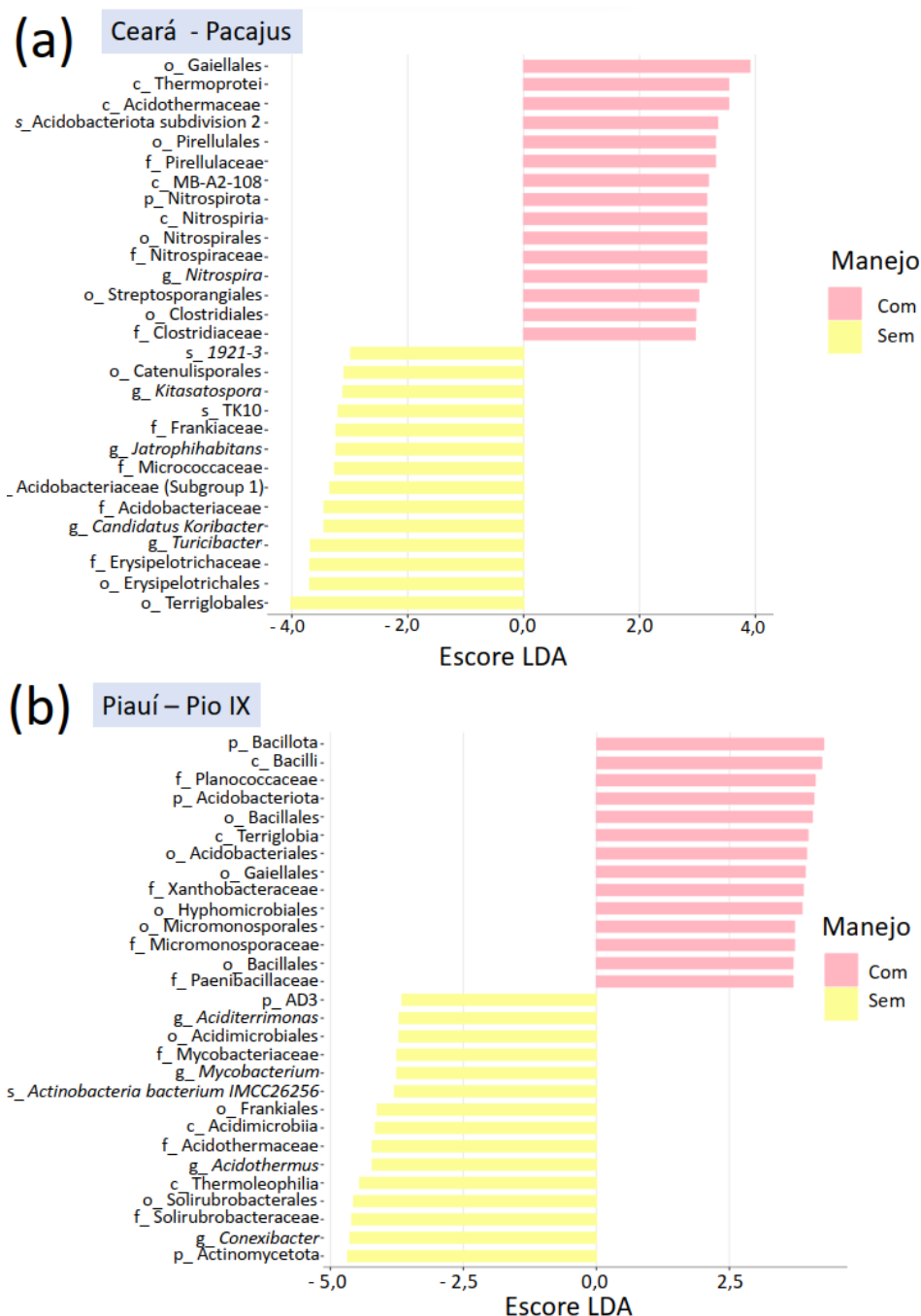
Na e CTCefetiva (Figura 71b). Nesta região o LEfSe indicou que as amostras com manejo foram enriquecidas com bactérias do filo Verrucomicrobiota, como *Candidatus/Udaeobacter*, ou do filo Acidobacteriota, como *Vicinamibacteria* (Figura 73b).

Figura 73 – Análise LEfSe aplicada ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Pacajus e (b) Beberibe.



Já as amostras de solo associadas à condição com manejo de Serra do Mel mostram enriquecimento por micro-organismos do filo Archaea (Figura 74a). Nessa região o PCoA explicou 54,7% das variações dos dados e as variáveis ambientais que mais contribuíram para caracterização das amostras foram a BGL, a COT, a Na, o qMic e o teor de K (Figura 72a).

Figura 74 – Análise LefSe aplicada ao microbioma de solo cultivado com cajueiros CCP 76 em função das condições de manejo (com e sem manejo) aplicada ao local de coleta (a) Serra do Mel e (b) Pio IX.



Por sua vez, a PCoA das amostras de solo de Pio IX foi capaz de explicar 49,9% das variações dos dados. O teor de K foi a única variável ambiental que explicou esse ordenamento, com níveis maiores de K para amostras com manejo (Figura 72b), as quais foram enriquecidas por bactérias do filo Bacillota (Figura 74b).

Nas amostras de solo de Pacajus, as duas principais coordenadas PCoA1 e PCoA2 respondem juntas a 49,9% das variações entre as condições de manejo. Variações notáveis puderam ser observadas ao longo do primeiro eixo. Nessa região, o teste de permutação indicou que as variáveis P, Na, Ca, Zn, Cu, Mn, SB, CTCefetiva e ARS contribuíram para a diferenciação das comunidades microbianas do solo de cajueiros CCP 76 nas condições com e sem manejo (Figura 71a). A LEfSe para a condição com manejo indicou que as amostras de solo de Pacajus, além do enriquecimento de Bacillota, houve o enriquecimento de *Nitrososphaera*, um gênero pertencente ao domínio Archaea (Figura 73a). Esse gênero tem sido amplamente relacionado a função de oxidação da amônia, sendo comumente agrupado como AOA (Archaea oxidantes de amônia) (LU *et al.*, 2019; WU *et al.*, 2019; TOURNA *et al.*, 2011) e correlacionado positivamente com níveis de amônia (ZHALNINA *et al.*, 2013).

O cobre é um elemento vital para as AOA, uma vez que é um cofator para diversas proteínas-chave responsáveis pela oxidação da amônia e no transporte de elétrons (REYES *et al.*, 2020; JACQUOT *et al.*, 2014). No presente estudo, as amostras do solo de cajueiros da região de Pacajus tiveram os maiores níveis de cobre (Figura 47) e o PCoA para as amostras de solo de Pacajus indicou que a condição com manejo apresentou maior interação com o teor de cobre (Figura 71a). O que ocasionou o enriquecimento dessa AOA na condição com manejo do solo de Pacajus.

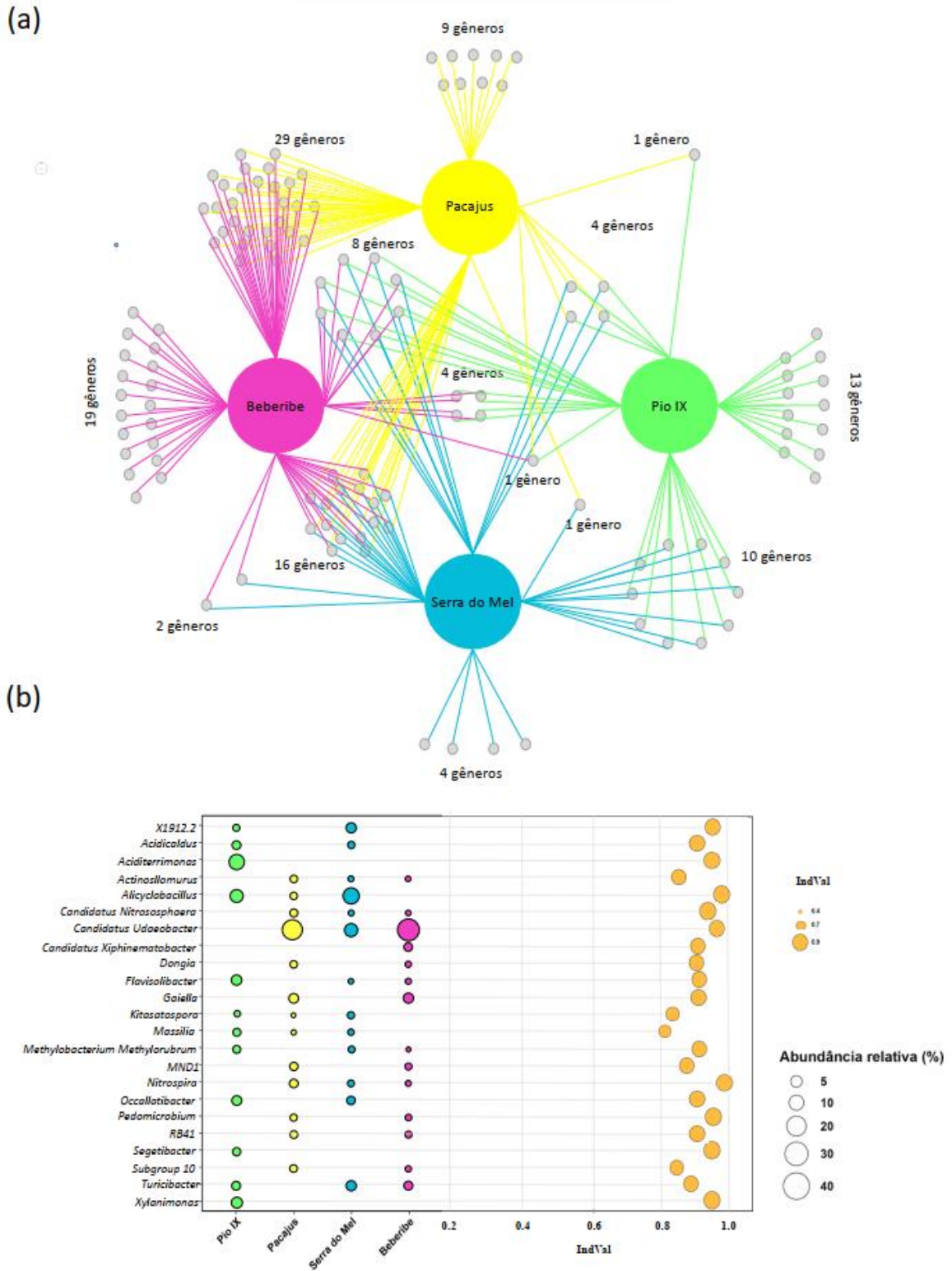
4.2.5 *Espécies indicadoras*

A análise de espécies indicadoras (IndVal) possibilitou a indicação dos gêneros que melhor categorizam as regiões analisadas (IndVal > 0,30 e $p < 0,05$). Desta forma, 61 gêneros foram considerados indicadores para o solo de Pacajus, 79 para o de Beberibe, 41 para o de Pio IX e 45 para o de Serra do Mel (Apêndice G).

Nenhum desses gêneros foi considerado característico das quatro localidades simultaneamente. Um total de 9, 19, 13 e 4 foram indicadores exclusivamente para as amostras de solo de Pacajus, Beberibe, Pio IX e Serra do Mel, respectivamente. As amostras de solo de

Beberibe e de Pacajus compartilharam, somente entre si, o maior número de gêneros característicos de ambas as regiões (29). Já as de Serra do Mel, por sua vez, compartilhou 26 gêneros com as amostras de solo de Beberibe, 21 com as de Pacajus e 22 com as de Pio IX. Já para o solo de Pio IX, o IndVal indicou que essa região compartilhou apenas 13 gêneros indicadores com o solo de Beberibe e 6 com o de Pacajus (Figura 75a).

Figura 75 – Espécies indicadoras (IndVal) da microbiota, ao nível de gênero, de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). (a) Mapa indicativo da quantidade de gêneros indicadores (IndVal > 0,3 e $p < 0,05$) isolados e compartilhados entre os locais. (b) Abundância relativa dos gêneros indicadores com abundância maior que 2% e o valor dos respectivos IndVal.



Fonte: Autor

Do total dos 121 gêneros considerados como indicadores para categorizar as amostras de solo das regiões de coleta, apenas 23 tiveram abundância superior a 2% e todos com IndVal maior que 0,8 (Figura 59b). Com destaque, principalmente em função da abundância, para *Aciditerrimonas* (IndVal = 0,93) indicador das amostras de solo relacionadas à região de Pio IX (Abundância = 19,0%), *Alicyclobacillus* (IndVal = 0,98) indicador das amostras de Pio IX (13,15%), de Serra do Mel (22,94%) e de Pacajus (2,84%) e *Candidatus Udaeobacter* (IndVal = 0,97) indicador das amostras de solo de Pacajus (37,26%), de Beberibe (44,59%) e de Serra do Mel (13,87%) (Figura 75b).

Candidatus/Nitrososphaera foi um dos gêneros, considerados indicadores (IndVal > 3) e com a abundância maior do que 2% em qualquer uma das regiões. Observou-se que tal gênero, além de ser indicador para as amostras de solo de Pacajus foi também para as de Beberibe e as de Serra do Mel (Figura 75).

Nas amostras de solo de Serra do Mel a LEfSe, assim como ocorreu nas amostras de Pio IX, identificou essa AOA como fator de enriquecimento taxonômico para a condição com manejo (Figura 72b). Entretanto, diferente das amostras de Pio IX, as amostras do solo de Serra do Mel indicaram baixo teor de Cu (Figura 47). Assim, o enriquecimento de *Nitrososphaera* nessa região não poderia estar associado ao teor de Cu. Contudo, tanto Cu e quanto Fe são precursores da oxidação da amônia, todavia enquanto o Cu está mais relacionado às AOA, o Fe estaria mais relacionado à bactérias oxidantes de amônia (AOB) (REYES *et al.*, 2020; SHAFIEE *et al.*, 2021).

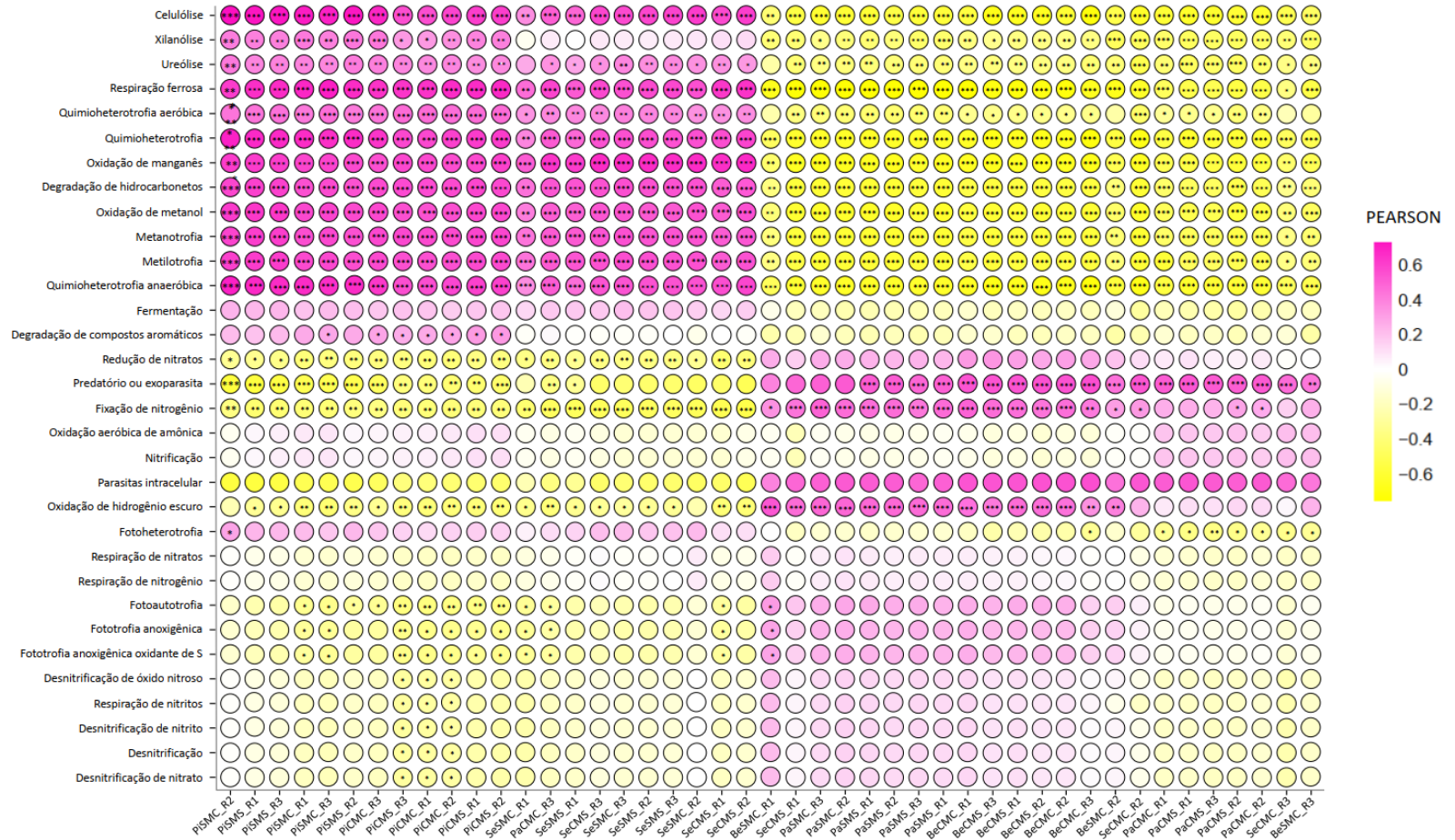
No presente estudo, o solo de Serra do Mel apresentou baixos teores de Cu, mas elevados teores de Fe, o que justifica o enriquecimento de AOB, como *Nitrospira* na condição com manejo do solo de Serra do Mel (Figura 72a). Salienta-se que *Nitrospira* também foi um gênero indicador para o solo da região de Serra do Mel (Figura 59b).

A alta disponibilidade de ferro favorece o nicho ecológico para a AOB, que usam em sua cadeia transportadora de elétrons metaloenzimas dependentes de ferro (SHAFIEE *et al.*, 2021; JACQUOT *et al.*, 2014). Convém ressaltar que ao mencionar alta disponibilidade não refere-se à concentrações tóxicas, pois tanto o Fe, quanto o Cu em altos teores podem ser tóxicos aos micro-organismos (AYUB; ABBAS; REHMAN, 2023). A hipótese deste estudo é que essa maior afinidade das AOB para o Fe, deixou o Cu livre para os micro-organismos quimiotróficos da AOA, como a *Nitrososphaera*, que tem maior afinidade com o Cu.

4.2.6 Potencial enzimático e metabólico funcional do solo

Analisando as predições das funções metabólicas em função da matriz de correlação das amostras, observou-se que essas foram divididas em dois grandes grupos. O primeiro incluiu as amostras de Pio IX e a maior parte das amostras de Serra do Mel, independente do manejo ou da estação. O segundo grupo contemplou as amostras de Beberibe e Pacajus, independente do manejo ou estação, além das amostras do genótipo comum de Serra do Mel, em ambas as estações (Figura 76).

Figura 76 – Relações correlacionais de predição funcional em função das 45 amostras de solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletadas em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *random forest* (rf) indicando as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$).



Fonte: Autor.

As amostras de solo de Serra do Mel (Figura 76), bem como o teor de Fe (Figura 77) tiveram elevada correlação com funções relacionadas à respiração ferrosa e de metabolismos quimiotróficos, o que pode estar associado ao enriquecimento tanto de *Nitrospira*, quanto de *Nitrososphaera* na condição com manejo das amostras de solo de Serra do Mel (Figura 72a).

Figura 77 – Relações correlacionais de predição funcional em função das variáveis (a) químicas (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicas (Ds, u, θ e θ_{cc}) e (b) biológicas (C-BMS, RBS, ARS, BGL, FAL e FAC) do microbioma associado a solos cultivados com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletados em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. Os asteriscos indicam a significância do teste *randon forest* (rf) indicando as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$).



Fonte: Autor.

Todas as amostras de solo de Pio IX e grande maioria das de Serra do Mel foram fortemente relacionadas as funções de ureólise, quimioheterotrofia, respiração por compostos férricos, oxidação de manganês e de metanol, degradação de hidrocarbonetos, fermentação, xilanólise e celulólise. As demais amostras, apresentaram uma correlação negativa para essas mesmas funções. O antagonismo entre esses dois grupos de amostras, em termos de predição

funcional, também pode ser observado com relação as funções associadas ao ciclo de nitrogênio, nitrificação, fixação de nitrogênio, oxidação aeróbica da amônia, respiração de nitritos e desnitrificação de nitratos, nitritos e de óxidos nitrosos. Para tais funções, as amostras de solo de Beberibe e de Pacajus tiveram predominância por correlações positivas, enquanto as de Pio IX apresentaram correlações negativas (Figura 77).

A predição das atividades funcionais com base nas variáveis físicas, químicas, biológicas e bioquímicas destacou que as atividades enzimáticas da ARS e da BGL do solo foram correlacionadas com funções de nitrificação ($r = 0,48$ e $0,46$, respectivamente) e de oxidação aeróbica de amônia ($r = 0,48$ e $0,46$, respectivamente). A BGL do solo foi correlacionada, ainda, com funções tais como xilanase ($r = 0,47$) e degradação de compostos aromáticos ($r = 0,52$). Enquanto a ARS se correlacionou negativamente com a oxidação de magnésio ($r = -0,47$) (Figura 77b).

Nenhuma das variáveis biológicas teve correlação com as funções previstas, a exceção da RBS, a qual se correlacionou negativamente com a oxidação do manganês ($r = -0,49$) (Figura 77b).

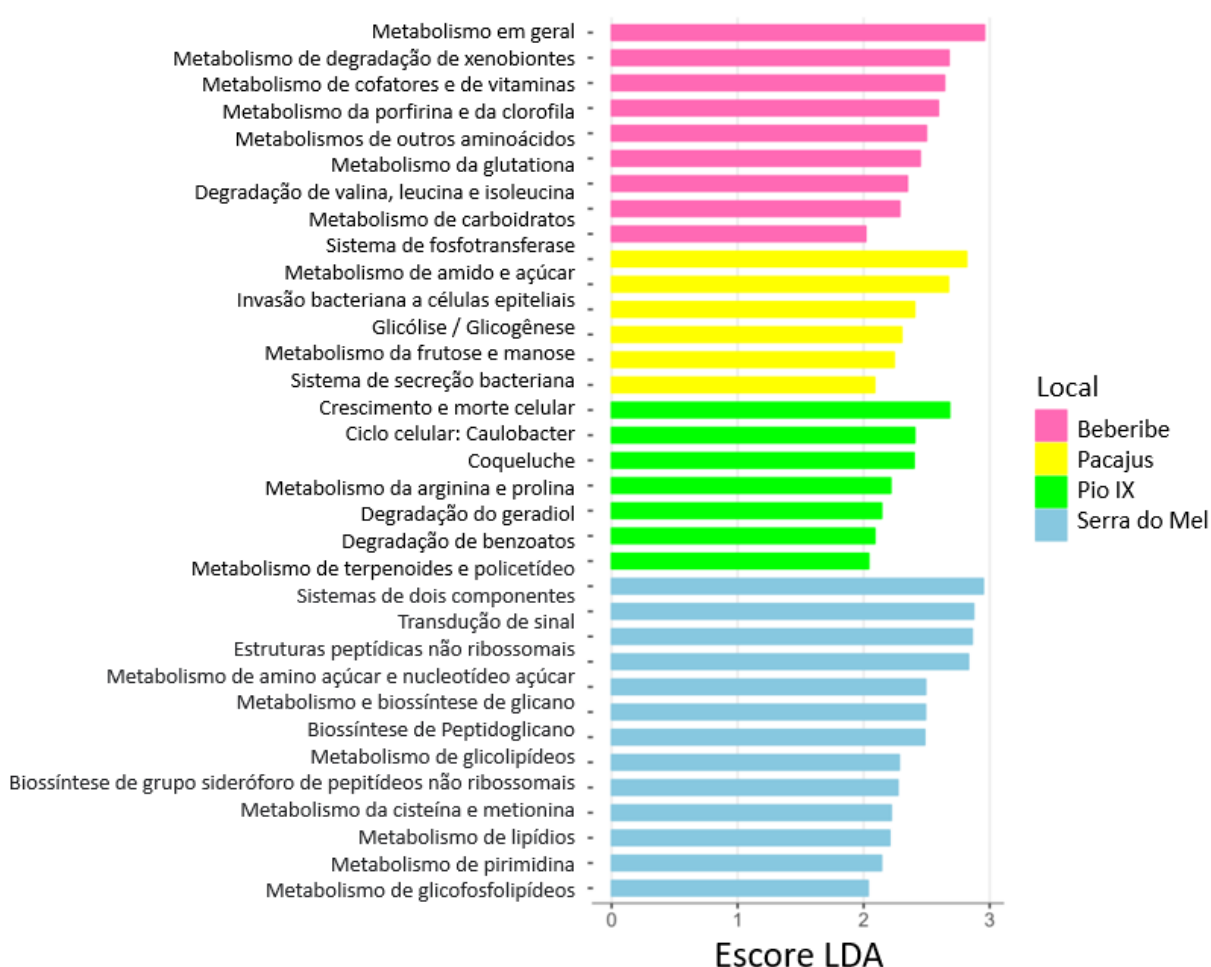
Contudo, diversas variáveis físicas e químicas foram correlacionadas com as funções previstas (Figura 77a). Assim, os teores de Na, Fe, Al, além da Ds e de m, tiveram de moderada a forte correlação com funções associadas à fotoheterotróficas, à respiração por compostos férricos, à oxidação de magnésio, à celulólise, à quimioheterotrofia aeróbia, à quimiotrofia, à ureolíticas, à quimiotrofia anaeróbica, à degradação de hidrocarbonetos, à metanotrofia, à oxidação de metanóis, à metilotrofia e à fermentação. Enquanto as variáveis Zn, Mg, Ca, s, CTC efetiva, Cu e Mn se correlacionaram negativamente e de forma moderada a forte com as funções descritas anteriormente (Figura 77a).

De uma forma geral, funções associadas ao ciclo do nitrogênio, tais como nitrificação, desnitrificação de nitritos, nitratos e de óxidos nitrosos, respiração de nitrito, nitratos e nitrogênio, redução de nitratos e fixação de nitrogênio tiveram baixa correlação com as variáveis físicas e químicas analisadas (Figura 77a).

A análise linear discriminante do tamanho do efeito (LEfSe) foi realizada para comparar as predições funcionais com as amostras de solo dos diferentes locais de coleta. As amostras relacionadas à Beberibe foram enriquecidas por micro-organismos que desempenharam funções relativas ao metabolismo da síntese de clorofilas e ao metabolismo e degradação de aminoácidos. Já as amostras de solo associadas à Pacajus apresentaram maior enriquecimento por micro-organismos responsáveis pelo metabolismo energético e de

carboidratos. Por sua vez, as amostras de solo de Pio IX foram caracterizadas por micro-organismos que desempenharam funções associadas ao metabolismo de crescimento e morte celular, metabolismo de arginina e prolina e degradação de geradiol e benzoato. Por último, as amostras de Serra do Mel foram enriquecidas por micro-organismos que desempenharam funções associadas ao metabolismo de lipídios e terpanóides, à transdução de sinais e à estruturas peptídicas não ribossomais. (Figura 78).

Figura 78 – Pontuações LDA baseadas em análises LEfSe das amostras de solo cultivado com cajueiros CCP 76 com base na predição de funções para cada local de coleta (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX).



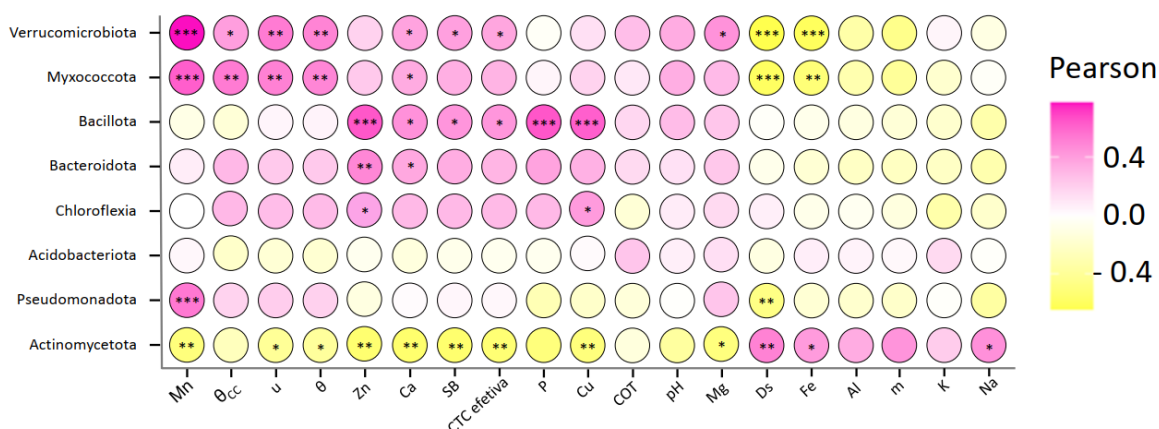
Fonte: Autor.

A análise de correlação entre os filos mais abundantes em função das variáveis físicas, químicas, biológicas e bioquímicas indicou que algumas dessas variáveis tiveram forte correlação com o microbioma do solo. A análise rf indicou que dentre as variáveis analisadas para o filo Actinomycetota, o teor de Fe, Mn, Mg, Zn, Ca, Na e Cu, bem como a CTC efetiva,

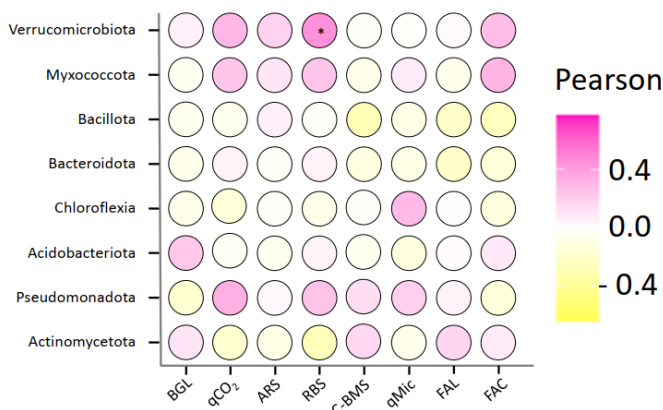
s, Ds, u e θ , foram as variáveis mais representativas. Já o coeficiente de correlação de Pearson (r), indicou que o filo Actinomycetota foi moderadamente correlacionado à Ds ($r = 0,51$), Na ($r = 0,46$) e Fe ($r = 0,42$), mas apresentou correlação negativa com Ca ($r = -0,56$), Mg ($r = -0,50$), Zn ($r = -0,55$), Cu ($r = -0,51$), Mn ($r = -0,51$), SB ($r = -0,56$), CTCefetiva ($r = -0,54$), u ($r = -0,41$) e θ ($r = -0,42$) (Figura 79).

Figura 79 – Relações correlacionais dos filós 5% mais abundantes em função das variáveis (a) químicas (COT, pH, s, CTC efetiva, m e os teores de Al, P, K, Ca, Mg, Na, Fe, Zn, Cu e Mn), físicas (Ds, u, θ e θ_{CC}), (b) biológicas (C-BMS, RBS, qCO₂ e qMic) e bioquímicas (ARS, BGL, FAL e FAC) do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). As cores indicam correlação positiva ou negativa, bem como a intensidade destas, conforme coeficiente de correlação de Pearson. O asterisco indica a significância do teste *random forest* (rf) para as variáveis mais representativas, conforme nível de significância (*, $p < 0,05$; **, $p < 0,01$; ***, $p < 0,001$).

(a)



(b)



Fonte: Autor.

Para o filo Acidobacteriota, nenhuma das variáveis analisadas foram consideradas representativas pelo teste rf, não havendo forte e nem moderada correlação com qualquer variável (Figura 79a, b).

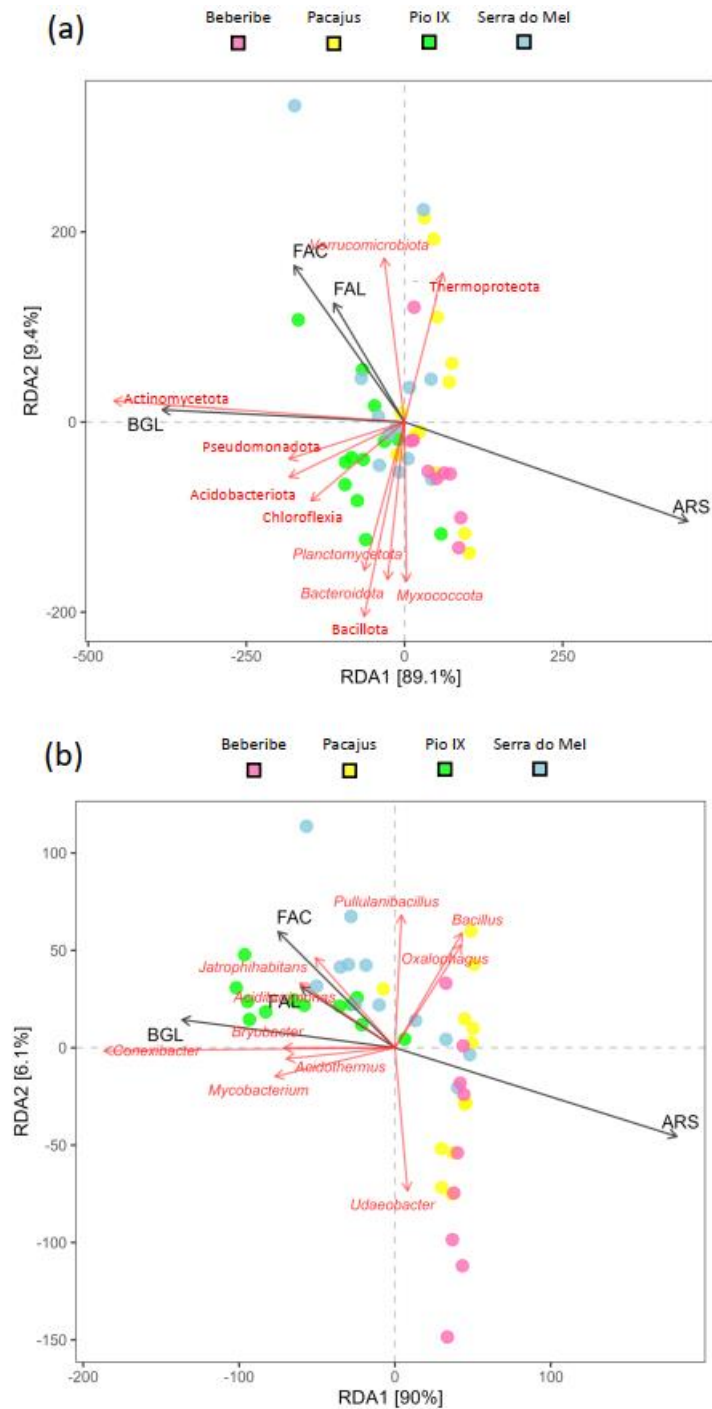
Já com relação ao filo Bacillota, seis variáveis foram consideradas representativas pelo teste rf e apresentaram correlação com esse filo, sendo elas: Zn ($r = 0,65$), Ca ($r = 0,46$), Cu ($r = 0,64$) e P ($r = 0,65$), CTCefetiva ($r = 0,44$) e SB ($r = 0,44$) (Figura 79a, b).

Somente Mn ($r = 0,55$) e Ds ($r = - 0,48$) foram representativas e tiveram moderada correlação com o filo Pseudomonadota. Já para Chloroflexia, Zn e Cu foram representativos, mas somente o Cu ($r = 0,41$) apresentou índice de correlação de Pearson maior que 0,4. O filo Bacteriodota teve correlação somente com o Zn ($r = 0,49$) e o Ca ($r = 0,37$) (Figura 79a, b).

Verrucomicrobiota foi o segundo filo (logo depois de Actinomycetota) que teve mais correlações com variáveis ambientais. Para este filo o teste rf indicou significância para Ca ($r = 0,39$), Mg ($r = 0,45$), Fe ($r = - 0,62$), Mn ($r = 0,78$), SB ($r = 0,40$), CTCefetiva ($r = 0,38$), RBS ($r = 0,46$), Ds ($r = - 0,66$), u ($r = 0,54$), θ ($r = 0,51$) e θ_{cc} ($r = 0,41$) (Figura 79a, b).

Foi elaborado um diagrama da ordenação canônica pela análise de redundância (RDA) para explorar as possíveis relações entre as quatro enzimas do solo (BGL, ARS, FAL e FAC), combinadas com os 10 principais filios e os 10 principais gêneros indicadores (com maior valor de IndVal registrado) e em função dos locais de coleta (Figura 80a, b).

Figura 80 – Diagrama da ordenação canônica pela análise de redundância (RDA) de comunidades bacterianas do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa) relacionando o potencial enzimático com espécies indicadoras a nível taxonômico de filo (a) e gênero (b). As cores representam o agrupamento com base nos locais. Os autovetores e rótulos azuis indicam variáveis enzimáticas e os vermelhos as espécies indicadoras que estão significativamente correlacionadas com os eixos PCoA.



FAL = atividade da fosfatase alcalina, FAC = atividade da fosfatase ácida, ARS = atividade da arilsulfatase, BGL = atividade da β -glicosidade

Fonte: Autor.

Na RDA os resultados indicaram que os autovalores dos dois principais eixos, RDA1 e RDA2, responderam juntos a 98,5% e 96,1% das variações para filo (Figura 90a) e gênero (Figura 90b), respectivamente. Houve uma concentração das amostras de Beberibe e Pacajus no primeiro e quarto quadrante, enquanto as amostras de Pio IX ficaram concentradas no terceiro (RDA do filo) e segundo (RDA do gênero) quadrantes. As amostragens de Serra do Mel ficaram mais distribuídas (Figura 80a, b).

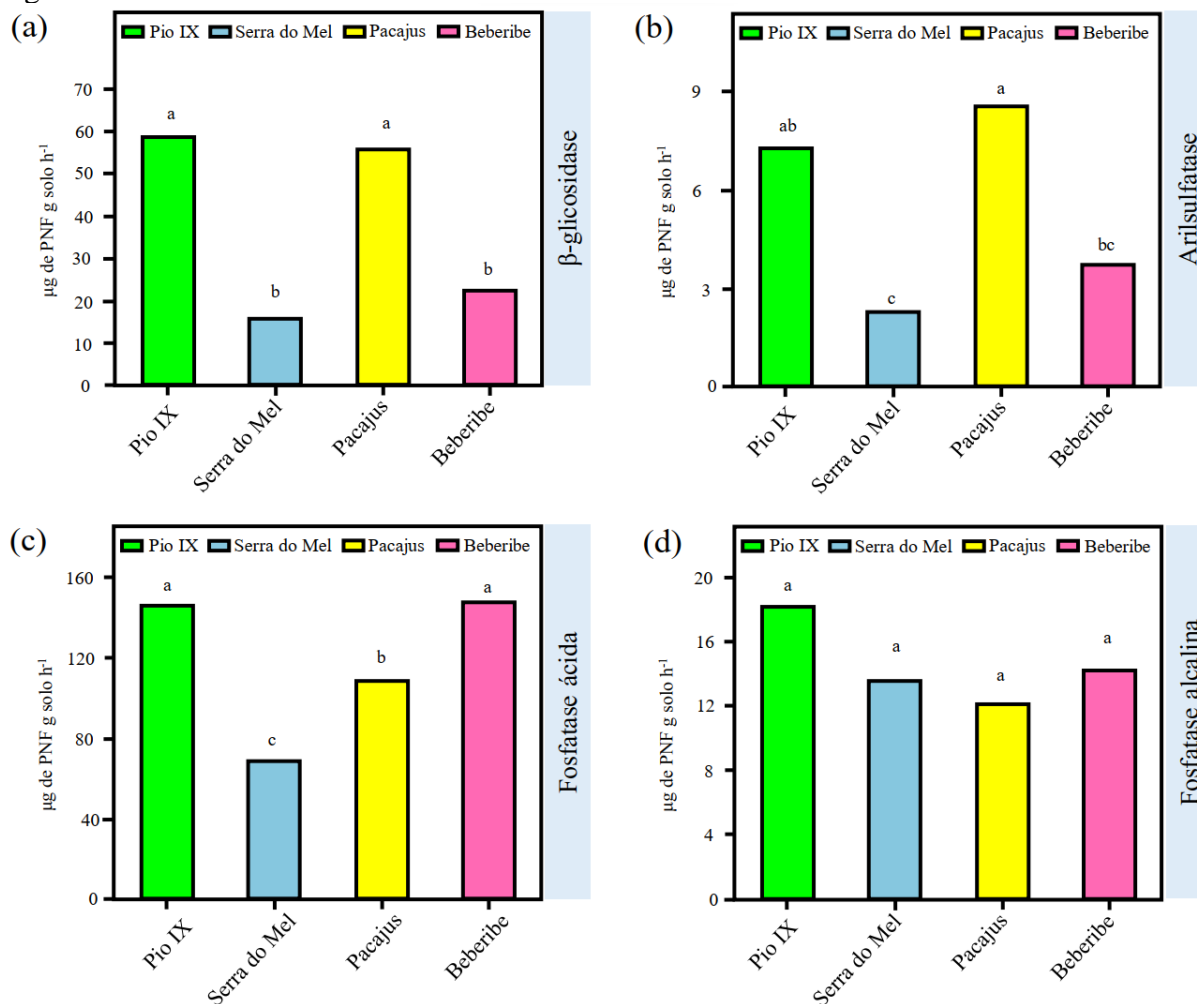
Analisando as enzimas, a ordenação tanto para o filo quanto para o gênero indicou que a fosfatase ácida (FAC), a fosfatase alcalina (FAL) e a β -glicosidase (BGL) diferiram da arilsulfatase (ARS) pelo primeiro e pelo segundo eixo. Além disso, a ARS foi praticamente oposta a BGL e fortemente relacionada com as amostras das regiões de Pacajus e Beberibe (Figura 80a, b).

O filo Actinomycetota foi correlacionado com a BGL, mas com correlação negativa com a ARS. Por sua vez, o filo Verrucomicrobiota indicou considerável relação com as enzimas FAL e FAC (Figura 80a).

Os gêneros *Conexibacter*, *Bryobacter*, *Acidothermus*, *Aciditerrimonas* e *Mycobacterium* indicaram foram relacionados com a BGL e com a ARS. Já as enzimas FAL e FAC foram fortemente correlacionadas a bactérias do gênero *Aciditerrimonas* e *Jatrophihabitans* (Figura 80b).

As maiores médias de BGL foram verificadas nas amostras de Pio IX (59,01 $\mu\text{g de PNF g solo}^{-1} \text{ h}^{-1}$) e Pacajus (56,11) (Figura 81a), tais regiões também apresentaram as maiores médias de COT (Figura 47). O maior conteúdo de COT estimula a microbiota e protege as enzimas do solo, em virtude da formação de complexos enzima-compostos húmicos (TABATABAI, 1997). Em virtude da BGL ser uma enzima relacionada ao ciclo do carbono (LI *et al.*, 2022b; SHENG *et al.*, 2022; LASOTA; BABIAK; BLONSKA, 2022), ela frequentemente tem sido correlacionada com a COT (BHATTACHARYYA *et al.*, 2021; CHELLAPPA *et al.*, 2021; MA *et al.*, 2020; VAZQUEZ *et al.*, 2019).

Figura 81 – Análise de variância (ANOVA) das enzimas β -glicosidase (BGL) (a), arilsulfatase (ARS) (b) e fosfatases ácida (FAC) (c) e alcalina (FAL) (d) do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%.

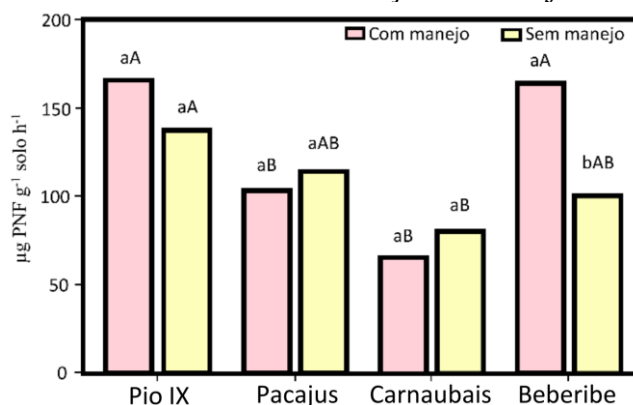


Fonte: Autor.

A ARS registrou maior média nas amostras de solo de Pio IX ($7,22 \mu\text{g de PNF g solo}^{-1} \text{ h}^{-1}$) e Pacajus ($8,54$) (Figura 81b). Já a FAC apresentou maior média no solo de Pio IX e Beberibe ($145,56$ e $147,68 \mu\text{g de PNF g solo}^{-1} \text{ h}^{-1}$, respectivamente), com menor valor no de Serra do Mel ($68,59 \mu\text{g de PNF g solo}^{-1} \text{ h}^{-1}$) (Figura 81c). Das enzimas analisadas neste estudo, somente a FAL não apresentou diferenciação entre os locais de coleta (Figura 81d).

A análise de variância (ANOVA) da FAC em função da condição com manejo do solo, indicou que as amostras de Serra do Mel e Pacajus obtiveram as menores médias da atividade da FAC. Já o solo na condição sem manejo da localidade de Pio IX apresentou maior média de FAC comparada as amostras de Serra do Mel (Figura 82).

Figura 82 – Análise de variância (ANOVA) da fosfatase ácida (FAC) do solo cultivado com cajueiros CCP 76, nas condições com e sem manejo antrópico, em quatro locais do Nordeste brasileiro (Beberibe, Pacajus, Serra do Mel e Pio IX) e coletado em dois períodos (estações seca e chuvosa). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada local e letras maiúsculas compararam locais dentro de cada condição de manejo.

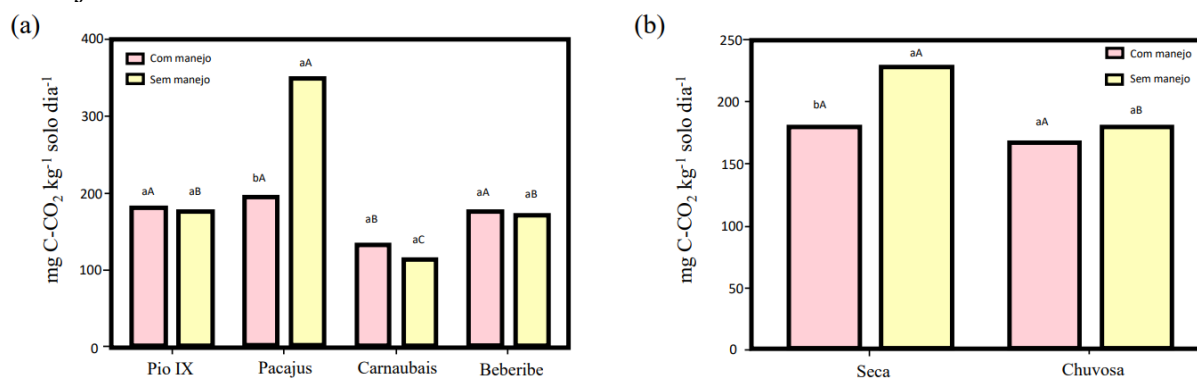


Fonte: Autor.

Dentro de cada local as condições com ou sem manejo não apresentaram diferenciação na FAC para as amostras de solo de Serra do Mel, de Pio IX ou de Pacajus. Contudo, nas amostras de solo de Beberibe a condição com manejo apresentou maior FAC do que a condição sem manejo (Figura 82). Não houve diferenciação da FAC em função da estação.

Já com relação a β -glicosidase (BGL), as amostras de solo provenientes de Serra do Mel e de Beberibe não diferiram com relação à condição de manejo (com e sem manejo) dentro de cada local. Contudo, considerando os solos na condição com manejo, as amostras de Pio IX apresentaram a maior atividade da BGL dentre as demais localidades. Enquanto, na condição sem manejo, a BGL foi maior nos solos de Pacajus do que nos demais locais (Figura 83a). Por sua vez, percebeu-se que independente da condição de manejo ou da localidade, a estação seca apresentou maior BGL do que a chuvosa (Figura 83b).

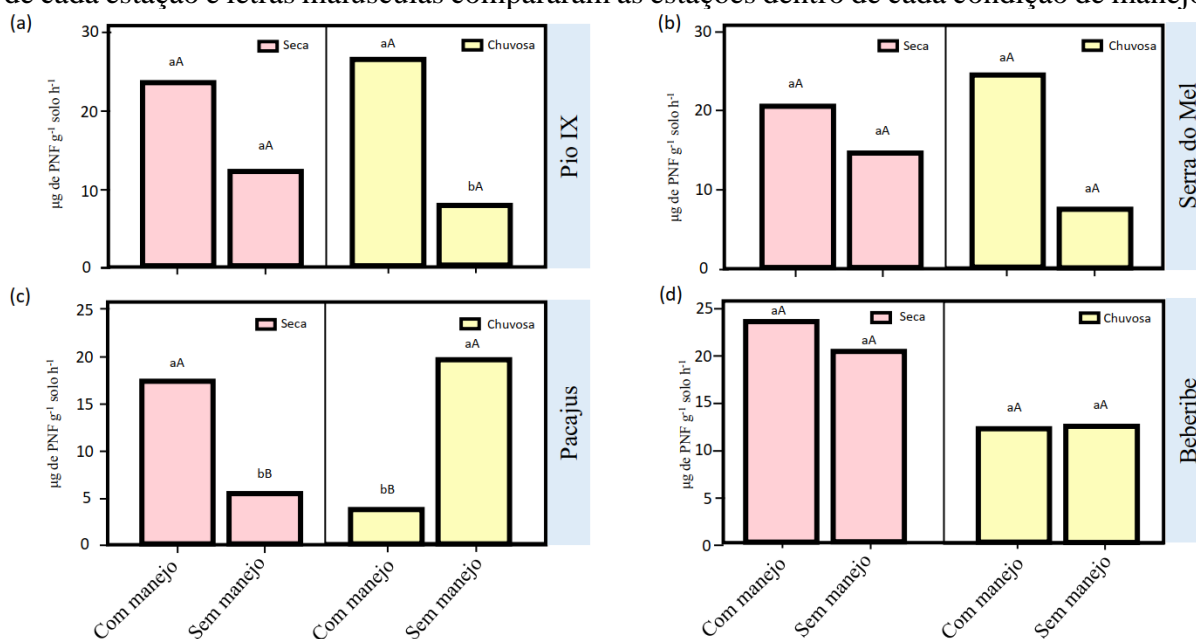
Figura 83 – Análise de variância (ANOVA) referente a β -glicosidase (BGL) do solo em função das condições de manejo (com e sem manejo) e das regiões (Pacajus, Beberibe, Serra do Mel e Pio IX) (a) e das estações (seca ou chuvosa) (b). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam o manejo dentro de cada região e letras maiúsculas compararam as regiões dentro de cada condição de manejo.



Fonte: Autor.

Nas amostras de solo referentes ao município de Pio IX coletadas na estação chuvosa a FAL foi maior na condição com manejo do que na sem manejo. Enquanto nessa região, na estação seca não houve diferença entre as condições de manejo. Também não foi verificada diferença da FAL entre os períodos de coleta (estação seca e chuvosa) para as amostras relacionadas a essa região (Figura 84a).

Figura 84 – Análise de variância (ANOVA) referente a fosfatase alcalina (FAL) em função das condições de manejo (com e sem manejo) e das estações (seca e chuvosa) do solo cultivado com cajueiros CCP 76 em quatro locais do Nordeste brasileiro (Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d)). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam as condições de manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada condição de manejo.



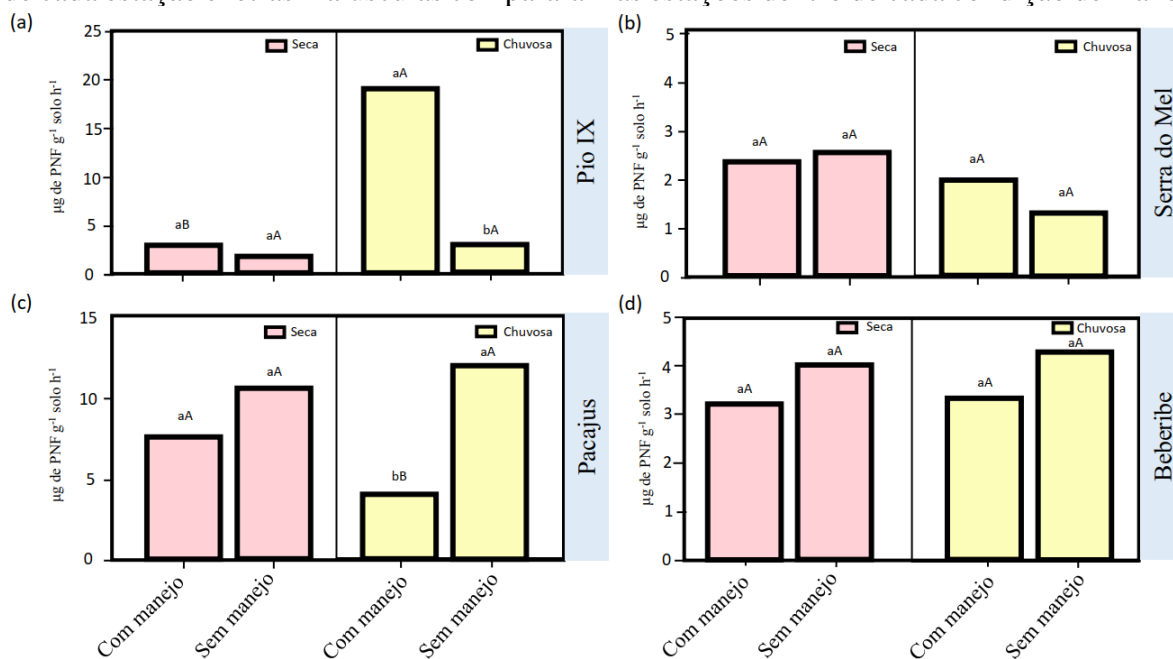
Fonte: Autor.

Já nas amostras de solo de Serra do Mel (Figura 84b) e de Beberibe (Figura 84d) não foram observadas diferenças da FAL entre as estações e nem entre as condições de manejo.

Contudo, no solo de Pacajus, foi observado que a FAL da condição com manejo da estação seca superou a condição sem manejo da mesma estação. Além disso, para a condição com manejo a estação seca apresentou maior média de FAL do que a estação chuvosa. O oposto foi verificado para a FAL da condição sem manejo nessa região (Figura 84c).

Assim como na FAL, a ARS em solos das regiões de Serra do Mel e Beberibe não apresentaram diferenciação para as condições de manejo ou para estação (Figura 85b, d). Contudo, nas amostras de Pio IX a condição com manejo da estação chuvosa teve maior ARS do que a condição sem manejo da mesma estação. Além disso, dentro da condição com manejo a ARS da estação chuvosa foi maior do que a da seca (Figura 85a). Por sua vez, no solo de Pacajus a ARS da condição sem manejo da estação chuvosa foi maior do que em solos na condição com manejo da mesma estação (Figura 85c).

Figura 85 – Análise de variância (ANOVA) referente a arilsulfatase (ARS) em função das condições de manejo (com e sem manejo) e das estações (seca e chuvosa) do solo cultivado com cajueiros CCP 76 em quatro locais do Nordeste brasileiro (Pio IX (a), Serra do Mel (b), Pacajus (c) e Beberibe (d)). Médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ao nível de significância de 5%. Letras minúsculas compararam as condições de manejo dentro de cada estação e letras maiúsculas compararam as estações dentro de cada condição de manejo.



Fonte: Autor.

5 CONCLUSÕES

Este trabalho é dedicado as crianças adultas, que quando pequenas, sonharam em se tornar cientistas

A estrutura da comunidade microbiana associada ao solo de quatro locais do Nordeste brasileiro foi afetada pelo genótipo, manejo e por condições edáficas e sazonais.

Solos associados a cajueiros do genótipo comum ou coletados durante a estação chuvosa apresentaram maior riqueza microbiana.

O manejo do solo foi um importante fator para o aumento da riqueza microbiana, principalmente na região de Pacajus.

A natureza copiotrófica e oligotrófica de Bacillota e Actinomycetota, respectivamente, foi um fator importante para a diferenciação da diversidade microbiana do solo relacionado aos genótipos de cajueiros em Serra do Mel.

A saúde do solo foi influenciada pelo manejo e pelas condições edáficas e sazonais.

A BGL (β -glicosidase) do solo foi fortemente correlacionada ao COT (carbono orgânico total do solo).

A atividade da ARS (arilsulfatase) do solo foi correlacionada com o aumento da abundância de Proteobacteriota e Verrucomicrobiota.

O microbioma associado ao solo do cajueiro CCP 76 na localidade de Serra do Mel foi mais eficiente na utilização de recursos do que o associado ao genótipo comum

Bactérias do filo Actinomycetota foram mais eficientes na utilização de recursos ecossistêmicos do que às do filo Bacillota.

Solos com teores elevados de Fe e Cu tiveram maior abundância de microorganismos AOA (Archea oxidantes de amônia) e AOB (Bactérias oxidantes de amônia), que desempenharam funções relacionadas à respiração de compostos férricos e de metabolismos quimiotróficos.

REFERÊNCIAS

- ACOSTA-MARTINEZ, V.; CANO, A.; JOHNSON, J. Simultaneous determination of multiple soil enzyme activities for soil health-biogeochemical indices. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 16, n. 1, p. 121-128, mai. 2018. DOI: 10.1016/j.apsoil.2017.11.024.
- ADETUNJI, A. *et al.* Soil β -glucosidase activity, organic carbon and nutrients in plant tissue in response to cover crop species and management practices. **South African Journal of Plant and Soil**, [s.l.], v. 37, n. 3, p. 202-210, nov. 2021. DOI: 10.1080/02571862.2020.1718786
- ADIGA, D. J. An overview of canopy management in cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Journal Horticultural Sciences**, Bengaluru, v. 15, n. 2, n. 127-135, dez. 2020. ISSN 2582-4899.
- ADRIANO, B. *et al.* Morpho-cultural, molecular characterization and identification of the pathogen of the burning of leaf and cashew fruit. **Research, Society and Development**, Vargem Grande Paulista v. 11, n. 9, p. 1-11, jun. 2022. DOI: 10.33448/rsd-v11i9.31431
- ADU-GYAMFI, P. K. K. *et al.* Genotypic characterization of cashew (*Anacardium occidentale* L.) clones using agro-morphological traits. **Plant-Environment Interactions**, Amsterdam, v. 1, n. 3, p. 196-206, dez. 2020. DOI: 10.1002/pei3.10034.
- AHMAD, R. *et al.* Influence of biochar on soil nutrients and associated rhizobacterial communities of mountainous apple trees in northern Loess Plateau China. **Microorganisms**, Basel, v. 10, n. 10, p. 1-16, out. 2022. DOI: 10.3390/microorganisms10102078.
- ANDERSON, T. H; DOMSCH, K. H. Determination of eco physiological maintenance carbon requirements of soil microorganisms in a dormant state. **Biology Fertility Soils**, Berlin, n. 1, n. 1, p. 81-89, set. 1985. DOI: 10.1007/BF00255134
- ANDRADE, E. P DE.; RANGEL, D. E. N. Desenvolvimento do fungo entomopatogênico *Metarhizium rileyi* como agente microbiano para o manejo das principais espécies de lepidópteros nas culturas de soja e algodão: uma revisão. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v. 7, n. 5, p. 49283-49288, mai. 2021. DOI: 10.34117/bjdv7n5-365.
- AI, C. *et al.* Reduced dependence of rhizosphere microbiome on plant-derived carbon in 32-year long-term inorganic and organic fertilized soils. **Soil Biology & Biochemistry**, Londres v. 80, n. 1, p. 70-78, jan. 2015. DOI: 10.1016/j.soilbio.2014.09.028.
- ALCÂNTARA, S. R. *et al.* Caracterização físico-química das farinhas do pedúnculo do caju e da casca do maracujá. **Revista Brasileira de Produtos Agroindustriais**, Campina Grande, v.14, n. Especial, p.473-478, jun. 2012. DOI: 10.15871/1517-8595/rbpa.v15n4p349-355.
- ALEF, K. Estimation of soil respiration. In: ALEF, K.; NANNIPIERI, P. (Eds.). **Methods in soil microbiology and biochemistry**. New York: Academic, 1995. p. 464-470.

AMINU, H. *et al.* A review of research in soil fertility management and plant nutrition of cashew (*Anacardium occidentale L.*) in Nigeria. **World Journal of Advanced Research and Reviews**, New Delhi, v. 11, n. 3, p. 160-167, dez. 2021. DOI: 10.30574/wjarr.2021.11.3.0434.

AMORIM, A. V. *et al.* Produção e fisiologia de plantas de cajueiro anão precoce sob condições de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v.15, n.10, p.1014–1020, ago. 2011.

ARAÚJO, E. A. de. *et al.* Rootstock/scion in dwarf cashew improves aluminum tolerance, **Journal of Plant Nutrition**, Londres, v. 44, n. 10, p. 1458–1467, dez. 2020. DOI: 10.1080/01904167.2020.1862189

ARAÚJO JÚNIOR, J. V. *et al.* EFEITO DO FUNGO *Metarhizium anisopliae* SOBRE FORMAS JOVENS DA BROCA DA CANA-DE-AÇÚCAR. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, Maringá, v. 13, n. 2, p. 475-486, abr./jun. 2020. DOI:10.17765/2176-9168.2020v13n2p475-486.

ARAÚJO, A. L. de. **Horizontes com caráter coese e sua distribuição espacial em solos na formação barreiras**. Orientador: ROMERO, R. E. 2015. 111f. Tese (Doutorado) - Programa de pós-graduação em ciência do solo, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2015.

Disponível em:

https://repositorio.ufc.br/bitstream/riufc/19282/3/2015_tese_alara%C3%BAjo.pdf. Acesso em: 14 mar. 2023.

ARAÚJO, T. dos S. *et al.* Biomassa e atividade microbiana em solo cultivado com milho consorciado com leguminosas de cobertura. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 42, n. 2, p. 347-357, fev. 2019. DOI: 10.19084/rca.15433.

ARAÚJO, W. F. *et al.* Sustentabilidade em agroindústrias: alternativas para evitar o desperdício de resíduos agroindustriais do pedúnculo de caju - uma revisão de literatura. **Brazilian Journal of Development**, Curitiba, v. 4, n. 7, p. 4546-4569, nov. 2018. DOI: 10.34117/bjd4n7-714.

ARAÚJO, A. S. F.; MONTEIRO, R. T. R. Indicadores biológicos de qualidade do solo. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.23, n.3, p. 66-75, 2007.

ATLAS, R. M.; BARTHA R., **Microbial ecology: fundamentals and applications**. Cummings Science Publishing, 694 p., 1998.

AYUB, M. A.; ABBAS, M.; REHMAN M. Z. Role of inorganic bio stimulant elements in plant growth. In: AFTAB, T.; HAKEEM, K. R. (Ed.). **Sustainable Plant Nutrition**. Academic Press; Cambridge, MA, USA: 2023. pp. 229–261.

BAKKER, M. G., *et al.* Impacts of bulk soil microbial community structure on rhizosphere microbiomes of *Zea mays*. **Plant Soil**, Perth, v. 392, n. 1-2, p. 115–126, jul. 2015. DOI: 10.1007/s11104-015-2446-0.

BALOTA, E. L. *et al.* Biomassa microbiana e sua atividade em solos sob diferentes sistemas de preparo e sucessão de culturas. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 22, n. 4, p. 641-649, dez. 1998. DOI: 10.1590/S0100-06831998000400009

BAO, Y. *et al.* Important ecophysiological roles of non-dominant Actinomycetota in plant residue decomposition, especially in less fertile soils. **Microbiome**, Londres, v. 9, n. 84, p. 1-17, abr. 2021. DOI: 10.1186/s40168-021-01032-x

BARGAZ, A. *et al.* Soil Microbial Resources for Improving Fertilizers Efficiency in an Integrated Plant Nutrient Management System. **Frontiers in Microbiology**, Lausanne, v. 9, n. 1, p. 1-25, jul. 2018. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01606.

BARROS, L. de M. *et al.* **Recomendações Técnicas para a Cultura do Cajueiro-anão-precoce**. Circular Técnica, 01. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 1993. 65 p.

BARROS, L. de M. Melhoria. In: LIMA, V.P.M.S. **A cultura do cajueiro no Nordeste do Brasil**. Fortaleza: BNB/ETENE, 1988. p. 321-355.

BARROS, L. de M. *et al.* Hibridação de caju. In BORÉM A. (ed.) **Hibridação artificial de plantas**. Editora UFV, Viçosa, 2009. p. 214-250.

BECKERS, B. *et al.* Structural variability and niche differentiation in the rhizosphere and endosphere bacterial microbiome of field-grown poplar trees. **Microbiome**, Londres, v. 25, n. 5, p. 1-17, fev. 2017. DOI: 10.1186/s40168-017-0241-2.

BENONE, N. L.; MONTAG, L. F. de A. Métodos quantitativos para mensurar a diversidade taxonômica em peixes de riacho. **Oecologia Australis**, v. 25, n. 2, p. 398-414, 2021. DOI: 10.4257/oeco.2021.2502.11

BHARTI, R.; GRIMM, D, G. Current challenges and best practice protocols for microbiome analysis. **Briefings in Bioinformatics**, Londres v. 22, n. 1, p. 178-193, jan. 2021. DOI: 10.1093/bib/bbz155.

BHATTACHARYYA, R. *et al.* Soil organic carbon is significantly associated with the pore geometry, microbial diversity and enzyme activity of the macro-aggregates under different land uses. **Science of The Total Environment**, Amsterdã, v. 778, n. 146286, p. 1-10, jul. 2021. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2021.146286

BOJORQUEZ-QUINTAL, E. *et al.* Aluminum, a Friend or Foe of Higher Plants in Acid Soils, **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 8, n. 1767, p. 1-18, out. 2017. DOI: 10.3389/fpls.2017.01767

BORA, S. S. Long-term pruning modulates microbial community structure and their functional potential in Tea (*Camellia sinensis* L.) soils. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 176, n. 104483, p. 1-12, ago. 2022. DOI:10.1016/j.apsoil.2022.104483

BRAINER, M. S. de C. P.; VIDAL, M. de F. **Cajucultura nordestina em recuperação**. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2018. 13 p. (Série Documentos do ETENE, n. 54).

BRAINER, M. S. de C. P. **Cajucultura: O proveito do pedúnculo**. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2021. 19 p. (Série Documentos do ETENE, n. 190).

BRAINER, M. S. de C. P. **Cajucultura**. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2022. 19 p. (Série Documentos do ETENE, n. 230).

BRANDÃO, S. L.; LIMA, S. do C. pH e condutividade elétrica em solução do solo, em áreas de pinus e cerrado da chapada do município de Uberlândia (MG). **Caminhos de Geografia**, Uberlândia, v. 3, n. 6, p. 46-56, jun. 2002. DOI: 10.14393/RCG3615294

BREITKREUZ, C. *et al.* Can We Estimate Functionality of Soil Microbial Communities from Structure-Derived Predictions? A Reality Test in Agricultural Soils. **Microbiology Spectrum**, Washington, v. 9, n. 1, p. 1-17, set. 2021. DOI: 10.1128/Spectrum.00278-21. 2021

BRUMFIELD, K. D. *et al.* Microbial resolution of whole genome shotgun and 16S amplicon metagenomic sequencing using publicly available NEON data. **PLoS ONE**, São Francisco, v. 15, n. 2, p. 1-20, fev. 2020. DOI: 10.1371/journal.pone.0228899.

BU, X. *et al.* Soil organic matter in density fractions as related to vegetation changes along an altitude gradient in the Wuyi Mountains, southeastern China. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 52, n. 1, p. 42-47, jan. 2012. DOI: 10.1016/j.apsoil.2011.10.005.

CAMERON, E. S. *et al.* To rarefy or not to rarefy: Enhancing microbial community analysis through next-1 generation sequencing. **bioRxiv**, Nova York, v. 20, n. 1, p. 1-36, out. 2020. DOI: 10.1101/2020.09.09.290049.

CARDOSO, E. J. B. N.; ANDREOTE, F. D. **Microbiologia do solo**. Piracicaba: ESALQ, 2 ed. 221 p. Disponível em: <https://www.esalq.usp.br/biblioteca/portais-de-pesquisa/livros-abertos-da-esalq>. Acesso em: 12 mar. 2023, 2016. DOI:10.11606/9788586481567.

CARUSO, V. *et al.* Performance of Microbiome Sequence Inference Methods in Environments with Varying Biomass. **mSystems**, Washington, v. 4, n. 1, p. 1-19, jan./fev, 2019. DOI: 10.1128/mSystems.00163-18.

CARVALHO, M. C. da C. G. de; SILVA, D. C. G. da. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 3, p. 735–744, mar. 2010. DOI: 10.1590/S0103-84782010000300040

CARVALHO, J. S. *et al.* Evolução de atributos físicos, químicos e biológicos em solo hidromórfico sob sistemas de integração lavoura-pecuária no bioma Pampa. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.51, n.9, p.1131-1139, set. 2016. DOI: 10.1590/S0100-204X2016000900012

CASTRO, A. M.; PEREIRA Jr., N. Produção, propriedades e aplicação de celulases na hidrólise de resíduos agroindustriais. **Química Nova**, São Paulo, v. 33, n. 1, p. 181-188, jan. 2010. DOI: 10.1590/S0100-40422010000100031.

CASTRO, V. L. S. S. de; JONSSON, C. M.; MAIA, A. de H. N. **Avaliação da segurança de uso de pseudomonas como biorremediador em áreas degradadas de pastagens**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 19., 2009, Águas de Lindóia. Visão estratégica de cadeias do agronegócio: anais. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos: Associação Brasileira de Zootecnistas, 2009.

- CAVALCANTE JUNIOR, L. F. *et al.* Nutrient accumulation and nutritional efficiencies of cashew genotypes. **Journal of Plant Nutrition**, Londres, v. 42, n. 4, p. 344-350, jan. 2019. DOI: 10.1080/01904167.2018.1555847.
- CARR, M. K. V. The Water Relations And Irrigation Requirements Of Cashew (*Anacardium occidentale* L.): A Review. **Experimental Agriculture**, Londres, v. 50, n. 1, p. 24-39, jan. 2014. DOI: 10.1017/S0014479713000392.
- CHAER, G. M. *et al.* Evaluating C trends in clayey Cerrado Oxisols using a four-quadrant model based on specific arylsulfatase and β -glucosidase activities. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 183, n. 1, p. 1-11, mar. 2023. DOI: 10.1016/j.apsoil.2022.104742.
- CHAMBERLAIN, L. A. *et al.* Crop rotation, but not cover crops, influenced soil bacterial community composition in a corn-soybean system in southern Wisconsin. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 154, n.1, p. 1-9, out. 2020
- CHAMKHI, I. *et al.* Is the rhizosphere a source of applicable multi-beneficial microorganisms for plant enhancement?. **Saudi Journal of Biological Science**, Riade, v. 29, n. 2, p. 1246–1259, fev. 2022. DOI: 10.1016/j.sjbs.2021.09.032.
- CHAVES, A. F. **Validação de um método de laboratório alternativo à estimativa da capacidade de campo in situ**. Orientador: ASSIS JUNIOR, R. N. de. 2017. 63f. Tese (Doutorado) - Programa de pós-graduação em ciência do solo, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2017. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/24449>. Acesso em: 14 mar. 2023.
- CHELLAPPA, J. *et al.* Soil organic carbon, aggregate stability and biochemical activity under tilled and no-tilled agroecosystems. **Journal of Agriculture and Food Research**, [s.l.], v. 4, n. 100139, p. 1-10, jun. 2021. DOI: 10.1016/j.jafr.2021.100139
- CHEN, M. S. R. Replication protein A: Single-stranded DNA's first responder. **BioEssays**, [s.l.], v. 36, n. 12, p. 1156-1161, dez. 2014. DOI: 10.1002/bies.201400107
- CHEN, H. *et al.* Controls on soil arylsulfatase activity at a regional scale. **European Journal of Soil Biology**, Paris, v. 90, n. 1, p. 9–14 jan./fev. 2019. DOI: 10.1016/j.ejsobi.2018.11.001.
- CHIARELLO, M. *et al.* Ranking the biases: The choice of OTUs vs. ASVs in 16S rRNA amplicon data analysis has stronger effects on diversity measures than rarefaction and OTU identity threshold. **PLoS ONE**, São Francisco, v.17, n. 2, p. 1-19, fev. 2022. DOI: 10.1371/journal.pone.0264443.
- CHOLET, F. *et al.* Ecological Observations Based on Functional Gene Sequencing Are Sensitive to the Amplicon Processing Method. **mSphere**, Washington, v. 7 n. 4, p.1-20, jul./ago. 2022. DOI:10.1128/msphere.00324-22.
- CLARKE, K. R. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. **Australian Journal of Ecology**, Lismore, v.18, n. 1, p.117-143, mar. 1993.

- CLASSEN, A. T. *et al.* Direct and indirect effects of climate change on soil microbial and soil microbial-plant interactions: What lies ahead?. **Ecosphere**, Washington, v.6, n. 8, p. 1-21, ago. 2015. DOI: 10.1890/ES15-00217.1
- COLLER, E. *et al.* Microbiome of vineyard soils is shaped by geography and management. **Microbiome**, Londres, v. 7, n. 140, p. 1-15, nov. 2019. DOI:10.1186/s40168-019-0758-7.
- COLARES, C. *et al.* Elevational specialization and the monitoring of the effects of climate change in insects: Beetles in a Brazilian rainforest mountain. **Ecological Indicators**, [s.l.], v. 120, n. 106888, p. 1-10, jan. 2021. DOI: 10.1016/j.ecolind.2020.106888., 2021
- CORTIVO, C. D. *et al.* Effects of Seed-Applied Biofertilizers on Rhizosphere Biodiversity and Growth of Common Wheat (*Triticum aestivum* L.) in the Field. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 11, n. 1, p., fev. 2020. DOI: 10.3389/fpls.2020.00072.
- CUNHA, E.Q. *et al.* Sistemas de preparo do solo e culturas de cobertura na produção orgânica de feijão e milho. II – atributos biológicos do solo. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 35, n. 2, p. 603-611, abr. 2011. DOI: 10.1590/S0100-06832011000200029
- CURTIS, T. P.; SLOAN, W. T; SCANNELL, J. W. Estimating prokaryotic Diversity and Its Limits. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS)**, Massachusetts, v. 99, n. 16, p. 10494-10499, jul. 2002. DOI: 10.1073/pnas.142680199.
- DADALTO, J. P. *et al.* Sistema de preparo do solo e sua influência na atividade microbiana. **Revista Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v. 35, n. 3, p. 506-513, mai./jun. 2015. DOI: 0.1590/ 1809-4430-Eng.Agric.v35n3p 506-513/ 2015.
- DE-POLLI, H.; GUERRA, J. G. M. C, N e Pna biomassa microbiana do solo. In: SANTOS, G. de A.; CAMARGO, F. A. de O. (Ed.). **Fundamentos da matéria orgânica do solo: ecossistemas tropicais e subtropicais**. Porto Alegre: Genesis, 1999. Cap. 17, p. 389-411.
- DÍAZ, S.; CABIDO, M. Vive la différence: plant functional diversity matters to ecosystem processes. **TRENDS in Ecology & Evolution**, Londres, v. 16, n. 11, p. 646-655, nov. 2001.
- DIONÍSIO, J. A; PIMENTEL, I. C.; SIGNOR, D. Respiração microbiana. In: DIONÍSIO, J. A. *et al.* (Ed.). **Guia prático de biologia do solo**. Sociedade brasileira de ciência do solo, Curitiba, 1 ed. p. 72-77. 2016. ISBN: 978-85-69146-00-1
- DODD, R. J.; SHARPLEY, A. N. Recognizing the role of soil organic phosphorus in soil fertility and water quality. **Resources, Conservation and Recycling**, Beijing. v. 105, n. B, p. 282-293, dez. 2015. DOI: 10.1016/j.resconrec.2015.10.001.
- DOYLE, J. *et al.* Cellulase dynamics in a desert soil. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 38, n. 2, p. 371–376, fev. 2006. DOI:10.1016/j.soilbio.2005.05.017
- DU, H. D. *et al.* Soil properties and bacterial community dynamics in a coal mining subsidence area: Active versus Passive Revegetation. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, Washington, v. 21, n. 1, p. 2573–2585, jul. 2021. DOI: 10.1007/s42729-021-00548-3.

- DUFRENE, M. & LEGENDRE, P. Species assemblages and indicator species: the need for flexible asymmetrical approach. **Ecological Monographs**, Washington v.67, n.3, p.345-366, 1997. DOI: 10.1890/0012-9615(1997)067[0345:SAAI]2.0.CO;2.
- DURANTI, S. *et al.* Characterization of the phylogenetic diversity of five novel species belonging to the genus *Bifidobacterium*: *Bifidobacterium castoris* sp. nov., *Bifidobacterium callimiconis* sp. nov., *Bifidobacterium goeldii* sp. nov., *Bifidobacterium samirii* sp. nov. and *Bifidobacterium dolichotidis* sp. nov. **Int J Syst Evol Microbiol**, Londres, v. 69, n. 5, p. 1288-1298, fev. 2019. DOI 10.1099/ijsem.0.003306.
- EDWARDS, J. *et al.* Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS)**, Massachusetts, v. 112, n. 8, p. 911-920, jan. 2015. DOI: 10.1073/pnas.1414592112.
- ELHAISSOUFI, W. *et al.* Phosphate bacterial solubilization: A key rhizosphere driving force enabling higher P use efficiency and crop productivity. **Journal of Advanced Research**, Cairo. v. 38, n. 1, p. 13-28, mai. 2022. DOI: 10.1016/j.jare.2021.08.014
- ESPINOSA, D. J. L. *et al.* Potential of Entomopathogenic Fungi as Biological Control Agents of Whitefly (*Bemisia tabaci* biotype B) (Genn.) (*Hemiptera: Aleyrodidae*). **Journal of Experimental Agriculture International**, Nova Deli, v. 38, n. 6, p. 1-8, jul. 2019. DOI: 10.9734/JEAI/2019/v38i630320.
- ESSER, G. *et al.* Feedback of carbon and nitrogen cycles enhances carbon sequestration in the terrestrial biosphere. **Global Change Biology**, Madison, v. 17, n. 2, p. 819-842, jan. 2011. DOI: 10.1111/j.1365-2486.2010.02261.x
- EVANS, R.; MARIWAH, S.; ANTWI, K. B. **Cashew Cultivation, Access to Land and Food Security in Brong-Ahafo Region, Ghana: Preventing the intergenerational transmission of poverty**. Nota técnica, 06. Reading, University of Reading, 2014. 28 p.
- EZEOKOLI, O. T. *et al.* Structural and functional differentiation of bacterial communities in post-coal mining reclamation soils of South Africa: bioindicators of soil ecosystem restoration. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 10, n. 1759, p. 1-14, fev. 2020. DOI: 10.1038/s41598-020-58576-5.
- FAO - Food and Agriculture Organization. **Cashew nut**. 2020. Disponível em: <http://www.fao.org/3/X5043E/x5043E06.htm>. Acesso em: 05 mar. 2023.
- FAOSTAT Online Statistical Service. United Nations Food and Agriculture Organization (FAO), Roma, 2022. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em: 01 jun. 2023.
- FARIA, P. S. A. *et al.* Multifunctional potential of endophytic bacteria from *Anacardium othonianum* Rizzini in promoting *in vitro* and *ex vitro* plant growth. **Microbiological Research**, Berlin, v. 242, n. 1, p. 1-11, jan. 2021. DOI:10.1016/j.micres.2020.126600.
- FEKETEOVÁ, Z.; HRABOVSKÝ, A.; ŠIMKOVIC, I. Microbial Features Indicating the Recovery of Soil Ecosystem Strongly Affected by Mining and Ore Processing. **Int. J.**

Environ. Res. Public Health, Washington, v. 18, n. 6, p. 1-16, mar. 2021. DOI: 10.3390/ijerph18063240.

FERRAZ, A. C. P.; GADELHA, B. de Q.; AGUIAR-COELHO, V. M. Análise faunística de Calliphoridae (Diptera) da Reserva Biológica do Tinguá, Nova Iguaçu, Rio de Janeiro. **Revista Brasileira de Entomologia**, Curitiba, v. 53, n. 4, p. 620–628, dez. 2009. DOI: 10.1590/S0085-56262009000400012

FERREIRA, S. J. F. *et al.* Nutrientes no solo em floresta de terra firme cortada seletivamente na Amazônia central. **Acta Amazônica**, [s.l.], v. 31, n. 3, p. 381-396, set. 2001. DOI: 10.1590/1809-43922001313396

FIALHO, J. S. *et al.* Indicadores da qualidade do solo em áreas sob vegetação natural e cultivo de bananeiras na Chapada do Apodi-CE. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 37, n. 3, p. 250-257, mai. 2006. ISSN: 0045-6888.

FIERER, N.; JACKSON, R. B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. **Biological sciences**, Massachusetts, v. 103, n. 3, p. 626-631, jan. 2006. DOI: 10.1073/pnas.0507535103.

FIGUEIRÊDO JUNIOR, H.S DE. Desafios Para a Cajucultura no Brasil: O Comportamento da Oferta e da Demanda da Castanha de Caju. **Revista Econômica do Nordeste**, Fortaleza, v. 37, n. 4, p. 550-571, out./dez. 2006.

FRAC, M. *et al.* Fungal Biodiversity and Their Role in Soil Health, **Frontiers in microbiology**, Washington, v. 13, n. 1, p. 1-9, abr. 2018. DOI: doi.org/10.3389/fmicb.2018.00707

FRANCELINO, M. R.; FERNANDES FILHO, E. I.; RESENDE, M. Elaboração de um sistema Elaboração de um sistema de classificação da capacidade de classificação da capacidade de suporte em ambiente semi-árido. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 9, n. 1, p. 83-91, mar. 2005. DOI: 0.1590/S1415-43662005000100013

FRANCIS, F. *et al.* From Diverse Origins to Specific Targets: Role of Microorganisms in Indirect Pest Biological Control. **Insects**, Berna, v. 11, n. 8, p. 1-14, ago. 2020. DOI: 10.3390/insects11080533.

GAMA-RODRIGUES, E. F.; GAMA-RODRIGUES, A. C.; BARROS, N. F. Biomassa microbiana de carbono e de nitrogênio de solos sob diferentes coberturas vegetais. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 21, n. 3, p. 361-365, set. 1997. DOI: 10.1590/S0100-06831997000300002

GAO, C. *et al.* Characterization of a Recombinant Thermostable Arylsulfatase from Deep-Sea Bacterium *Flammeovirga pacifica*. **Journal of Microbiology and Biotechnology**, [s.l.], v. 25, n. 11, p. 1894-1901, ago. 2015. DOI: 10.4014/jmb.1504.04028.

GARCIA, N. Z. T. *et al.* Antifungal potential of cashew nut shell liquid in the control of plant pathogens. **Biosci. J**, Uberlândia, v. 34, n. 1, p. 95-103, jan./fev. 2018.

GARDNER, T. *et al.* Soil Rhizosphere Microbial Communities and Enzyme Activities under Organic Farming in Alabama. **Diversity**, Basel, v. 3, n. 1, p. 308-328, jul. 2011. doi:10.3390/d3030308.

GIANI, A. M. *et al.* Long walk to genomics: History and current approaches to genome sequencing and assembly. **Computational and Structural Biotechnology Journal**, Estocolmo, v. 18, n. 1, p. 9-19, jan. 2020. DOI: 10.1016/j.csbj.2019.11.002.

GOSWAMI, D.; THAKKER, J. N.; DHANDHUKIA, P. C. Portraying mechanics of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR): A review. **Cogent Food & Agriculture**, Londres, v. 2, n. 1, p. 1-19, jan. 2016. DOI: 10.1080/23311932.2015.1127500.

GIOVANELLA, P. *et al.* Metal and organic pollutants bioremediation by extremophile Microorganisms. **Journal of Hazardous Materials**, Amsterdam, v. 382, n. 15, p. 1-14, jan. 2020. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2019.121024.

GOI, S. R.; SOUZA, F. A. de. Diversidade de microrganismos do solo. **Floresta e ambiente**, Seropédica, v. 13, n. 2, p. 46-65, out. 2006.

GRIFFITH, J. C. *et al.* Contrasting bacterial communities in two indigenous *Chionochloa* (Poaceae) grassland soils in New Zealand. **PLoS ONE**, São Francisco, v. 12, n. 6, p. 1-21, jun. 2017. DOI: 10.1371/journal.pone.0179652.

GUANZIROLI, C. E. *et al.* Entraves ao desenvolvimento da cajucultura no nordeste: margens de comercialização ou aumentos de produtividade e de escala?. **Revista Extensão Rural**, Santa Maria, v.16, n.18, p. 96-122, jul./dez. 2009.

GUI, H. *et al.* Organic management practices shape the structure and associations of soil bacterial communities in tea plantations. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 163, n. 1, p. 1-11, jul. 2021. DOI: /10.1016/j.apsoil.2021.103975.

GUPTA, R. S. Phylogeny of Pseudomonadota: Relationships to other eubacterial phyla and to eukaryotes. **FEMS Microbiology Reviews**, Oxford, v. 24, n. 4, p. 367-402, out. 2000. DOI: 10.1111/j.1574-6976.2000.tb00547.x

HAKIM, S. *et al.* Rhizosphere Engineering With Plant Growth-Promoting Microorganisms for Agriculture and Ecological Sustainability. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, Londres, v. 5, n. 1, p. 1-23, fev. 2021. DOI: 10.3389/fsufs.2021.617157.

HAKIM, S.; IMRAN, A.; MIRZA, M. S. Phylogenetic diversity analysis reveals *Bradyrhizobium yuanmingense* and *Ensifer aridi* as major symbionts of mung bean (*Vigna radiata* L.) in Pakistan. *Brazilian journal of microbiology*, São Paulo, v. 52, n. 1, p. 311-324, mar. 2021. DOI: 10.1007/s42770-020-00397-9..

HE, C. *et al.* Effects of cultivation soils and ages on microbiome in the rhizosphere soil of *Panax ginseng*. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 174, n. 1, p. 1-10, fev. 2022. DOI: 10.1016/j.apsoil.2022.104397.

HE, Y. *et al.* Stability of operational taxonomic units: an important but neglected property for analyzing microbial diversity. **Microbiome**, Londres, v. 3, n. 20, p. 1-10, mai. 2015. DOI 10.1186/s40168-015-0081-x.

HEATHER, J. M.; CHAIN, B. The sequence of sequencers: The history of sequencing DNA. **Genomics**, San Diego, v. 107, n. 1, p. 1–8, jan. 2016. DOI: 10.1016/j.ygeno.2015.11.003

HEINTZ-BUSCHART, A. *et al.* Microbial diversity-ecosystem function relationships across environmental gradients. **Research Ideas and Outcomes**, [s.l.], v. 6, n. e52217, p. 1-26, mar. 2020. DOI: 10.3897/rio.6.e52217

HILTNER, L. Über neuere Erfahrungen und Probleme auf dem Gebiete der Bodenbakteriologie unter besonderden berucksichtigung und Brache. **Arb. Dtsch. Landwirtsch**, Gesellschaft 98 p. 59–78, 1904.

HOFFMANN, R. B. *et al.* Efeito do manejo do solo no carbono da biomassa microbiana, **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**, São José dos Pinhais, v. 1, n. 1, p. 168–178, nov. 2018. DOI: ISSN 2595-573X

HONG, J. *et al.* To rarefy or not to rarefy: robustness and efficiency trade-offs of rarefying microbiome data. **Bioinformatics**, Oxford, v. 38, n. 9, p. 2389–2396, fev. 2022. DOI: 10.1093/bioinformatics/btac127.

HOU, W. Effects of soil physics, chemistry, and microbiology on soil carbon sequestration in infertile red soils after long-term cultivation of perennial grasses. **GCB Bioenergy: Bioproducts for a Sustainable Bioeconomy**, [s.l.], v. 15, n. 1, p. 239-253, nov. 2022. DOI: 10.1111/gcbb.13019

HUANG, Y. *et al.* Microbial community assembly of the hyperaccumulator plant *Sedum plumbizincicola* in two contrasting soil types with three levels of cadmium contamination. **Science of The Total Environment**, Amsterdã, v. 863, n. 1, mar. 2023. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.160917

HUGHES, J. B. *et al.* Counting the Uncountable: Statistical Approaches to Estimating Microbial Diversity. **Applied and environmental microbiology**, Washington, v. 67, n. 10, p. 4399-4406, out. 2001. DOI: 10.1128/AEM.67.10.4399–4406.2001.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento sistemático da produção agrícola (LSPA)**, 2022. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em: 05 mar. 2023.

INCEOGLU, Ö. *et al.* Comparative Analysis of Bacterial Communities in a Potato Field as Determined by Pyrosequencing, **PLoS One**, São Francisco, v. 6, n. 8, p. 1-11, ago. 2011. DOI: 10.1371/journal.pone.0023321

JACQUOT, J. E. *et al.* Assessment of the potential for copper limitation of ammonia oxidation by Archaea in a dynamic estuary. **Marine Chemistry**, [s.l.], v. 162, n. 1, p. 37–49, mai. 2014. DOI: 10.1016/j.marchem.2014.02.002

JANES-BASSETT, V. *et al.* A meta-analysis of phosphatase activity in agricultural settings in response to phosphorus deficiency. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 165, n. 108537, p. 1-10, fev. 2022. DOI: 10.1016/j.soilbio.2021.108537.

JANSEN, L. N. da S. **Potencial agrícola e usos dos solos na microrregião de caxias - Maranhão - Brasil**. Orientador: FARIAS FILHO, M. S. 2022. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-graduação em Geografia, Universidade Federal do Maranhão, São Luís, 2022. Disponível em: <https://tede2.ufma.br/jspui/handle/tede/4544>. Acesso em: 17 mar. 2023.

JENKINSON, D. S.; LADD, J. M. Microbial biomass in soil: measurement and turnover. In: PAUL, E. A.; LADD, J. M. (Ed.). **Soil biochemistry**. New York: M. Dekker, 1981. v. 5, p. 415-471.

JEONG, J. *et al.* The effect of taxonomic classification by full-length 16S rRNA sequencing with a synthetic long-read technology. **Nature**, Londres, v. 11, n. 1727, p. 1-12, jan. 2021. DOI: 10.1038/s41598-020-80826-9.

JEYAVISHNU, K. *et al.* Increased Revenue with High Value-Added Products from Cashew Apple (*Anacardium occidentale* L.)—Addressing Global Challenges. **Food and Bioprocess Technology**, Washington, v. 14, n. 1, p. 985-1012, mar. 2021. DOI: 10.1007/s11947-021-02623-0.

JOERGENSEN, R. G.; WICHERN, F. Alive and kicking: Why dormant soil microorganisms matter. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 116, n. 1, p. 419-430, jan. 2018. DOI: 10.1016/j.soilbio.2017.10.022.

JOHNSON, J. M. *et al.* Colonization and molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi associated with the rhizosphere of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) in Benin (West Africa): an exploratory study. **Annals of microbiology**, Berlim, v. 66, n. 1, p. 207-221, jan. 2016. DOI: 10.1007/s13213-015-1097-y.

JOOS, L. *et al.* Daring to be differential: metabarcoding analysis of soil and plant-related microbial communities using amplicon sequence variants and operational taxonomical units. **BMC Genomics**, Londres, v. 21, n. 733, p. 1-17, out. 2020. DOI: 10.1186/s12864-020-07126-4.

KAVAMURA, V. N. *et al.* Inorganic Nitrogen Application Affects Both Taxonomical and Predicted Functional Structure of Wheat Rhizosphere Bacterial Communities. **Frontiers in Microbiology**, Lausanne, v. 9, n. 1, p. 1-15, mai. 2018. DOI:10.3389/fmicb.2018.01074.

KENYA, E. *et al.* Amplicon-based assessment of bacterial diversity and community structure in three tropical forest soils in Kenya. **Heliyon**, Londres, v. 8, n. 11, p. 1-10, nov. 2022. DOI: 10.1016/j.heliyon.2022.e11577.

KER, J. C. Latossolos do Brasil: uma revisão. **Genomos**, Viçosa, v. 5, n. 1, p. 17-40, jul. 1997. DOI: 10.18285/geonomos.v5i1.187

KIM, B. *et al.* Deciphering diversity indices for better understanding of the microbial communities. **Journal of Microbiology and Biotechnology**, [s.l.], v. 27, n. 12, p. 2089–2093, out. 2017. DOI:10.4014/jmb.1709.09027

KLEIN, C. AGNE, S. A. A. Fósforo: de nutriente à poluente. **Revista Eletrônica em Gestão, Educação e Tecnologia Ambiental**, Santa Maria. v. 8, n. 8, p. 1713-1721, set-dez 2012. DOI: 10.5902/223611706430

KOO, B. J., *et al.* Root exudates and microorganisms. *Encyclopedia of Soils in the Environment*, Nova York, v. 1, n. 1, p. 421-428, jan. 2005. DOI: 10.1016/B0-12-348530-4/00461-6

KOPPEN, W.; GEIGER, R. **Klimate der Erde. Gotha: Verlagcondicionadas.** Justus Perthes. n.p, 1928.

KORB, J. E.; TODDARD, M. T.; HUFFMAN, D. W. E_Effectiveness of Restoration Treatments for Reducing Fuels and Increasing Understory Diversity in Shrubby Mixed-Conifer Forests of the Southernm Rocky Mountains, USA. **Forests**, Berna, v. 11, n. 508, p.1-20, mai. 2020. DOI: 10.3390/f11050508.

KULSKI, J. K. Next-Generation Sequencing — An Overview of the History, Tools, and “Omic” Applications _ IntechOpen. In: KULSKI, J. K. **Next Generation Sequencing - Advances, Applications and Challenges.** InTech [s.l: s.n.]. jan. 2016. 464 p. DOI: 10.5772/61964.

KUMAR, D. *et al.* Rhizosphere microbiome analysis of healthy and infected cumin (*Cuminum cyminum* L.) varieties from Gujarat, India. **Current Research in Microbial Sciences**, Amsterdã, v. 3, n. 1, p. 1-10, out. 2022a. DOI: 10.1016/j.crmicr.2022.100163.

KUMAR, U. *et al.* Landscape Composition and Soil Physical–Chemical Properties Drive the Assemblages of Bacteria and Fungi in Conventional Vegetable Fields. **Microorganisms**, Basel, v. 10, n. 6, p. 1-18, jun. 2022b. DOI: 10.3390/microorganisms10061202.

KUMAR, K. Microbial diversity and root exudates as an important facet in the rhizosphere ecosystem. In CHANDRA, D.; BHATT, P. (ed.) **Unravelling Plant-Microbe Synergy.** Academic Press, Cambridge, 2023. p. 119-132. DOI: 10.1016/B978-0-323-99896-3.00014-X.

KRISHNA, B. M.; KHAN, M. A.; KHAN, S. T. Next-Generation Sequencing (NGS) Platforms: An Exciting Era of Genome Sequence Analysis. In: TRIPATHI, V. *et al.* **Microbial Genomics in Sustainable Agroecosystems.** 1 ed. Springer: Singapura, 2019. cap 6. DOI: 10.1007/978-981-32-9860-6_6.

KYRIAKIDOU, M. *et al.* Current Strategies of Polyploid Plant Genome Sequence Assembly. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 9, n. 1, p. 1-15, nov. 2018. DOI: 0.3389/fpls.2018.01660.

LAMBAIS, M. R. *et al.* Diversidade Microbiana nos Solos: Definindo Novos Paradigmas. In: Vidal-Torrado, P. *et al.* (Ed.). **Tópicos em ciência do solo**, Viçosa: SBCS, v. 4, p. 43-84, 2005.

LANNA, A. C. *et al.* **Mitigação dos estresses abióticos na agricultura mediada pela interação de microrganismos e plantas.** Documentos 319. Santo Antônio de Goiás, GO: Embrapa Arroz e Feijão, 2021. 35 p.

- LASA, A. V. *et al.* Bacteria from the endosphere and rhizosphere of *Quercus* spp. use mainly cell wall-associated enzymes to decompose organic matter. **PLoS ONE**, São Francisco, v. 14, n. 3, p.1-19, mar. 2019. DOI:10.1371/journal.pone.0214422.
- LASOTA, J.; BABIAK, T.; BLONSKA, E. C:N:P stoichiometry associated with biochar in forest soils at historical charcoal production sites in Poland. **Geoderma Regional**, [s.l.], v. 28, n. e00482, p. 1-6, mar. 2022. DOI: 10.1016/j.geodrs.2022.e00482
- LEAL, M. L de A. *et al.* Efeito dos sistemas de manejo e do uso do solo na população de microrganismos do solo. **Research, Society and Development**, Vargem Grande Paulista, v. 10, n. 9, p. 1-11, jul. 2021. DOI: 10.33448/rsd-v10i9.17966.
- LEBOFFE, M. J., PIERCE, B. E. A photographic atlas for the microbiology laboratory. **CO: Morton Publishing**, 4 ed. Englewood, jan. 2011. 256 p. ISBN: 978-0895828729.
- LEITE, J. N. F. *et al.* Frações orgânicas e inorgânicas do fósforo no solo influenciadas por plantas de cobertura e adubação nitrogenada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 51, n. 11, p. 1880-1889, nov. 2016. DOI: 10.1590/S0100-204X2016001100010
- LI, Z. *et al.* Effects of phenolic acids from ginseng rhizosphere on soil fungi structure, richness and diversity in consecutive monoculturing of ginseng. **Saudi Journal of Biological Sciences**, Riade, v. 25, n. 8, p. 1788-1794, dez. 2018. DOI: 10.1016/j.sjbs.2018.07.007.
- LI, S. *et al.* Assessment of microbial α -diversity in one meter squared topsoil. **Soil Ecology Letters**, Pequim, v. 4, n. 3, p. 224–236, set. 2022a. DOI: 10.1007/s42832-021-0111-5.
- LI, D. *et al.* Effects of pyroxsulam on soil enzyme activity, nitrogen and carbon cycle-related gene expression, and bacterial community structure. **Journal of Cleaner Production**, Londres, v. 355, n. 131821, p. 1-10, jun. 2022b. DOI: 10.1016/j.jclepro.2022.131821
- LIMA, M. G. A. *et al.* Identification and pest status of *Holopothrips fulvus* (Thysanoptera: Phlaeothripidae) on dwarf-cashew crops in northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Entomologia**, Curitiba, v. 61, n.1, p. 271-274, ago. 2017. DOI: 10.1016/j.rbe.2017.07.007.
- LIPKO, I. A; BELYKH, O. I. Environmental Features of Freshwater Planktonic Actinomycetota. **Contemporary Problems of Ecology**, [s.l.], v. 14, n. 2, p. 158-170, mar. 2021. DOI: 10.1134/S1995425521020074
- LIU, Y. R. *et al.* New insights into the role of microbial community composition in driving soil respiration rates. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 118, n. 1, p. 35–41, mar. 2018. DOI: 10.1016/j.soilbio.2017.12.003
- LIU, B. *et al.* BASE: a practical de novo assembler for large genomes using long NGS reads. **BMC Genomics**, Londres, v. 17, n. 499, p. 561-569, ago. 2016. DOI: 10.1186/s12864-016-2829-5.
- LIU, L. *et al.* Comparison of Next-Generation Sequencing Systems. **Journal of Biomedicine and Biotechnology**, Dover, v. 2012, n. 251364, p. 1-11, jul. 2012. DOI: 10.1155/2012/25136.

LIU, H. *et al.* Generalists and specialists decomposing labile and aromatic biochar compounds and sequestering carbon in soil. **Geoderma**, Amsterdam, v. 428, n. 15, p. 1-10, dez. 2022. DOI: 10.1016/j.geoderma.2022.116176.

LIU, H. *et al.* Bioremediation of oil-contaminated soil by combination of soil conditioner and microorganism. **Journal of Soils and Sediments**, Berlim, v. 20, n. 1, p. 2121-2129, mar. 2020a. DOI: 10.1007/s11368-020-02591-6.

LIU, M. *et al.* Nitrogen leaching greatly impacts bacterial community and denitrifiers abundance in subsoil under long-term fertilization. **Agriculture, Ecosystems and Environment** Amsterdam, v. 294, n. 1, p. 1-10, jun. 2020b. DOI: 10.1016/j.agee.2020.106885.

LOPES, M. M de A. *et al.* Caracterização física de pedúnculos de clones de cajueiro anão precoce em diferentes estádios de maturação. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 4, p. 914-920, out./dez. 2011. DOI: 10.1590/S1806-66902011000400013.

LOPES, A. A. C. *et al.* Air-drying and long-term storage effects on β -glucosidase, acid phosphatase and arylsulfatase activities in a tropical Savannah Oxisol. **Applied Soil Ecology**, [s.l.], v. 93, n.1, p. 68–77, set. 2015. DOI: 10.1016/j.apsoil.2015.04.001.

LOPES, A. A. C. Temporal variation and critical limits of microbial indicators in Oxisols in the Cerrado, Brazil. **Geoderma Regional**, [s.l.], v. 12, n. 1, p. 72-82, mar. 2018. DOI: 10.1016/j.geodrs.2018.01.003.

LOSS, A. *et al.* Atributos químicos e físicos de um Argissolo Vermelho-Amarelo em sistema integrado de produção agroecológica. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 68-75, jan. 2009. DOI: 10.1590/S0100-204X2009000100010.

LU, S. *et al.* Review of ammonia-oxidizing bacteria and archaea in freshwater ponds. **Rev Environ Sci Biotechnol**, Amesterdã, v. 18, n.1, p. 1-10, mar. 2019. DOI: 10.1007/s11157-018-9486-x.

LUO, C. *et al.* Direct Comparisons of Illumina vs. Roche 454 Sequencing Technologies on the Same Microbial Community DNA Sample. **PLoS ONE**, São Francisco, v. 7, n. 2, p. 1-12, fev. 2012. DOI: 0.1371/journal.pone.0030087.

MA, W. *et al.* Response of soil labile organic carbon fractions and carbon-cycle enzyme activities to vegetation degradation in a wet meadow on the Qinghai–Tibet Plateau. **Geoderma**, Amsterdam, v. 377, n. 114565, p. 1-14, nov. 2020. DOI: 10.1016/j.geoderma.2020.114565

MADIGAN, M. T. *et al.* **Microbiologia de Brock**. 12 ed. Artmed, Porto Alegre, 2016. 1006 p.

MAHAPATRO, G. K. Insecticidal activity of cashew nut shell liquid against two lepidopteran pests. **Indian Journal of Entomology**, Nova Deli, v.73, n. 2, p. 121-124, 2011.

MANGALASSER, S. *et al.* Impact of different irrigation regimes under varied planting density on growth, yield and economic return of cashew (*Anacardium occidentale* L.).

Irrigation Science, Berlim, v. 37. n. 1, p. 483-494, jul. 2019. DOI: 10.1007/s00271-019-00625-7.

MANZONI, S. *et al.* Environmental and stoichiometric controls on microbial carbon-use efficiency in soils. **New Phytologist**, [s.l.], v. 196, n. 1, p. 79-91, out. 2012. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2012.04225.x

MARQUES, J. M. *et al.* Plant age and genotype affect the bacterial community composition in the tuber rhizosphere of field-grown sweet potato plants. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 88, n. 2, p. 424-435, abr. 2014. DOI: 10.1111/1574-6941.12313

MARTIJN, J. *et al.* Confident phylogenetic identification of uncultured prokaryotes through long read amplicon sequencing of the 16S-ITS-23S rRNA operon. **Environmental Microbiology**, Londres, v. 21, n. 7, p. 2485-2498, abr. 2019. DOI: 10.1111/1462-2920.14636.

MARTINS, A. B. G., SILVA, A. C. C. da, CHIAMOLERA, F. M. Cashew crop propagation. **Revista brasileira de fruticultura**, Jaboticabal, v. 41, n. 4, p. 1-5, jun. 2019. DOI: 10.1590/0100-29452019033.

MATSUOKA, M.; MENDES, I. C.; LOUREIRO, M. F. Biomassa microbiana e atividade enzimática em solos sob vegetação nativa e sistemas agrícolas anuais e perenes na região de Primavera do Leste (MT). **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 27, n. 3, p. 425-433, jun. 2003. DOI: 10.1590/S0100-06832003000300004.

MAXAM, A. M.; GILBERT, W. A new method for sequencing DNA. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Massachusetts, v. 74, n. 2, p. 560-564, fev. 1977. DOI: 10.1073/pnas.74.2.560.

MCNEAR JÚNIOR, D. H. The rhizosphere - roots, soil and everything in between. **Nature Education Knowledge**, v. 4, n. 3, p.1-15, jan. 2013.

MENDES, I. de C. *et al.* Bioindicadores para avaliação da qualidade dos solos tropicais: utopia ou realidade? **Embrapa Cerrados**, Planaltina, v. 246, n. 1, p. 1-31, mar. 2009. ISSN: 1517-5111.

MENDES, I. de C. *et al.* Bioanálise de solo: como acessar e interpretar a saúde do solo. **Embrapa Cerrados**, Planaltina, Circular Técnica, v. 38, n. 1, p. 1-23, dez. 2018. ISSN: 1517-0187.

MENDES, I. de C. *et al.* Critical limits for microbial indicators in tropical Oxisols at post-harvest: the FERTBIO soil sample concept. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 139, p. 85-93, jul. 2019. DOI: 10.1016/j.apsoil.2019.02.025.

MENDES, I. C. *et al.* Bioanálise de solo: a mais nova aliada para a sustentabilidade agrícola. **Informações Agronômicas NCPT**, Piracicaba, v. 1, n. 8, p. 1-11, dez. 2020. ISSN: 2311-5904.

MENDES, I. C. *et al.* Soil quality and grain yield: A win-win combination in clayey tropical Oxisols. **Geoderma**, Amsterdam, v. 388, n. 1, p. 114880-10, abr. 2021. DOI: 10.1016/j.geoderma.2020.114880.

MENDES, L. W. *et al.* Taxonomical and functional microbial community selection in soybean rhizosphere. **International Society for Microbial Ecology (ISME Journal)**, Berlin, v. 8, n. 8, p. 1577-1587, fev. 2014. DOI: 10.1038/ismej.2014.17

MENDONÇA, E. D. S.; MATOS, E. D. S. **Matéria Orgânica do solo: métodos de análises**. 2 ed. Viçosa: UFV, dez. 2017. ISBN: 978-85-69193-02-9

MEYER, K. M. *et al.* Why do microbes exhibit weak biogeographic patterns?. **The ISME Journal**, Londres, v. 12, n. 1, p. 1404-1413, abr. 2018. DOI:10.1038/s41396-018-0103-3.

MHETE, M. *et al.* Soil properties influence bacterial abundance and diversity under different land-use regimes in semi-arid environments. **Scientific African**, Kumasi, v. 7, n. 6, p. 1-13, nov. 2019. DOI: 10.1016/j.sciaf.2019.e00246

MHETE, M. *et al.* Soil properties influence bacterial abundance and diversity under different land-use regimes in semi-arid environments. **Scientific African**, Kumasi, v. 7, n. e00246, p. 1-13, mar. 2020. DOI: 10.1016/j.sciaf.2019.e00246

MNDZEBELE, B. *et al.* Effects of Cowpea-Amaranth Intercropping and Fertiliser Application on Soil Phosphatase Activities, Available Soil Phosphorus, and Crop Growth Response. **Agronomy**, Basileia, v. 10, n. 79, p. 2-20, jan. 2020. DOI: 10.3390/agronomy10010079.

MOHANRAM, S.; KUMAR, P. Rhizosphere microbiome: revisiting the synergy of plant-microbe interaction. **Annals of Microbiology**, Berlim, v. 69, n. 4, p. 307-320, fev. 2019 DOI: 10.1007/s13213-019-01448-9.

MOREIRA, F. M. S.; SIQUEIRA, J. O.; BRUSSARD, L. Soil organisms in tropical Ecosystems: a key role for Brazil in the global quest for the conservation and sustainable use of biodiversity. In: **Soil Biodiversity in Amazonian and other Brazilian Ecosystems**. MOREIRA, F.M.S.; SIQUEIRA, J. O.; BRUSSARD, L. (Eds.) CABI Publishing, Oxfordshire, p. 1-12, 2006. ISBN-10: 1-84593-032-0, ISBN-13: 978-1-84593-032-5.

MOREIRA, F.M.S.; SIQUEIRA, J.O. Os organismos do solo. IN: **Microbiologia e Bioquímica do Solo**. Lavras: Editora UFLA, 2006. p. 17-82

MORTINHO, E. S. *et al.* Co-Inoculations with Plant Growth-Promoting Bacteria in the Common Bean to Increase Efficiency of NPK Fertilization. **Agronomy**, Basileia, v. 12, n. 6, p. 1-15, mai. 2022. DOI: 10.3390/agronomy12061325.

MOURA, J. A. *et al.* Respiração basal e relação de estratificação em solo cultivado com citros e tratado com resíduos orgânicos no estado de Sergipe. **Semina: ciências agrárias**, Londrina, v. 36, n. 2, p. 731-746, abr. 2022. DOI: 10.5433/1679-0359.2015v36n2p731.

MULLER, E. L. Determining Microbial Niche Breadth in the Environment for Better Ecosystem Fate Predictions. **mSystems**, Washington, v. 4, n. 3, p. 1-6, mai./jun. 2019. DOI: 10.1128/mSystems.00080-19.

- MYSARA, M. *et al.* From reads to operational taxonomic units: an ensemble processing pipeline for MiSeq amplicon sequencing data. **GigaScience**, Londres, v. 6, n. 2, p. 1-10, fev. 2017. DOI: 10.1093/gigascience/giw017 2017
- NADAL, M. F. Jumping spiders (Araneae: Salticidae) as indicators of the conservation status of habitats in Eastern Chaco, Argentina. **Ecología Austral**, Buenos Aires, v. 32, n. 3, p. 1120-1132, nov. 2022. DOI: 10.25260/EA.22.32.3.0.1987.
- NAKAGAWA, S.; TAKAKI, Y.; SHIMAMURA, S.; HORIKOSHI, K. Deep-sea vent ϵ -Pseudomonadotal genomes provide insights into emergence of pathogens. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Massachusetts, v. 104, n. 29, p. 12146-12150, jul. 2007. DOI: 10.1073/pnas.0700687104
- NANNIPIERI, P. *et al.* Role of phosphatase enzymes in soil. In: BÜNEMANN, E. OBERSON, A.; FROSSARD, E. (Eds.) **Phosphorus in action**. Soil biology. Springer-Verlag, Berlin. 2011. p. 215-243. DOI: 10.1007/978-3-642-15271-9
- NAVARRO-NOYA, Y. E. *et al.* Bacterial Communities in the Rhizosphere at Different Growth Stages of Maize Cultivated in Soil Under Conventional and Conservation Agricultural Practices. **Microbiology Spectrum**, Washington, v. 10, n. 2, p. 1-15, mar. 2022. DOI: 10.1128/spectrum.01834-21
- NEUPANE, A. *et al.* Long term crop rotation effect on soybean yield explained by soil- and root-associated microbiome and soil health indicators. **Research Square**, Durham, v. 11, n.1, p. 1-25, jan. 2020. DOI: 10.21203/rs.2.20351/v1.
- NGATUNGA, E. L. *et al.* Soil suitability for cashew in South Eastern Tanzania. **The Land**, v. 5, n. 1, p. 3-16, jan. 2001.
- NOGUEIRA, M. A.; MELO, W. J. Enxofre disponível para a soja e atividade de arilsulfatase em solo tratado com gesso agrícola. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 27, n. 4, p. 655-663, ago. 2003. DOI: 10.1590/S0100-06832003000400010.
- NOTARO, K. A. *et al.* Enzymatic activity, microbial biomass, and organic carbon of Entisols from Brazilian tropical dry forest and annual and perennial crops. **Chilean journal of agricultural research**, Chillán, v. 78, n. 1, p. 68-77, jan./mar. 2018. DOI: 10.4067/S0718-58392018000100068.
- NOVAK, E. *et al.* Variação temporal dos atributos microbiológicos do solo sob diferentes usos. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 41, n. 3, p. 603-611. fev. 2018. DOI: 10.19084/RCA17300.
- NUNES, R. de S. *et al.* Distribution of Soil Phosphorus Fractions as a Function of Long-Term Soil Tillage and Phosphate Fertilization Management. **Frontiers in Earth Science**, [s.l.], v. 8, n. 350, p. 1-12, set. 2020. DOI: 10.3389/feart.2020.00350.
- OLIVEIRA, V. H de. Cajucultura. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n. 1, p. 001-284, 2008.

OLIVEIRA, S. P. *et al.* Conversion of forest into irrigated pasture I. Changes in the chemical and biological properties of the soil. **Catena**, Amsterdam, v. 137, n. 1, p. 508-516, fev. 2016. DOI: 10.1016/j.catena.2015.10.017.

OLIVER, I.; BEATTIE, A. J. Invertebrate Morphospecies as Surrogates for Species: A Case Study. **Conservation Biology**, Washington, v. 10, n. 1, p. 99-109, fev. 1996. DOI:10.1046/j.1523-1739.1996.10010099.x.

OLUBODE, O. O. *et al.* Evaluation of production practices and yield enhancing techniques on productivity of cashew (*Anacardium occidentale L.*). **International Journal of Tropical and Subtropical Horticulture**, Leuven, v. 73, n. 2, p. 75-100, mar./abril. 2018. DOI: 10.17660/th2018/73.2.1.

PAIVA, F. F de A.; GARRUTTI, D dos S.; SILVA NETO, R. M da S. **Aproveitamento industrial do caju**. Documentos, 38. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical/ Serviço Brasileiro de Apoio às Micro e Pequenas Empresas, 2000. 88 p. ISSN 0103-5797.

PAIVA, J. R. de, *et al.* Seleção de clones de cajueiro-anão precoce para plantio comercial no Município de Aracati, CE. **Revista Ciência Agronômica**, v.36, n.3, p. 338-343, 2005. ISSN: 0045-6888. Disponível em: <http://ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/248/243>. Acesso em: 18 de junho de 2023.

PAPKE, R. T.; WARD, D. M. The importance of physical isolation to microbial diversification. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 48, n. 3, p. 293-303, jul. 2004. DOI: 10.1016/j.femsec.2004.03.013.

PASSINATO, J. H. *et al.* Soil Health Check-Up of Conservation Agriculture Farming Systems in Brazil. **Agronomy**, Basileia, v. 11, n. 2, nov. 2021. DOI: 10.3390/agronomy11122410.

PATHAN, S. I. *et al.* Temporal dynamics of total and active prokaryotic communities in two Mediterranean orchard soils treated with solid anaerobic digestate or managed under no-tillage. **Biology and Fertility of Soils**, Berlin, v. 57, n. 1, p. 837-861, jun. 2021. DOI: 10.1007/s00374-021-01569-x

PAVINATO, P. S. *et al.* Revealing soil legacy phosphorus to promote sustainable agriculture in Brazil. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 10, n. 15615, p. 1-11, set. 2020. DOI: 10.1038/s41598-020-72302-1.

PEIFFER, J. A. *et al.* Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS)**, Massachusetts, v. 110, n. 16, p. 6548-6553, abr. 2013. DOI: 10.1073/pnas.1302837110.

PENG, S. *et al.* Distribution of antibiotic, heavy metals and antibiotic resistance genes in livestock and poultry feces from different scale of farms in Ningxia, China. **Journal of Hazardous Materials**, Amsterdã, v. 440, n. 1, p. 1-15, out. 2022. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2022.129719

- PÉREZ-JARAMILLO, J. E. *et al.* Deciphering rhizosphere microbiome assembly of wild and modern common bean (*Phaseolus vulgaris*) in native and agricultural soils from Colombia. **Microbiome**, Londres, v. 7, n. 1, p. 1-16, ago. 2019. DOI: 10.1186/s40168-019-0727-1.
- PEREZ, K. S. S.; RAMOS, M. L. G.; MCMANUS, C. Microbial biomass carbon in soil cultivated with soybean, under different management systems in Cerrado. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 39, n. 6, p. 567-573, jun. 2004. DOI: 10.1590/S0100-204X2004000600008
- PITTARELLO, M. *et al.* Changes in Soil Quality through Conservation Agriculture in North-Eastern Italy. **Agriculture**, [s.l.], v. 12, n. 7, p. 1-12, jul. 2022. DOI: 10.3390/agriculture12071007
- POGGI, S.; CHANDRA, S. B. Genomics Analysis of Replicative Helicase DnaB Sequences in Pseudomonadota. **Acta informatica medica**, Sarajevo, v. 22, n. 4, p. 249-254. ago. 2014. DOI: 10.5455/aim.2014.22.249-254
- PORTER, T. M. *et al.* All boreal forest successional stages needed to maintain the full suite of soil biodiversity, community composition, and function following wildfire. **Scientific reports**, v. 13, n. 7978, mai. 2023. DOI: 10.1038/s41598-023-30732-7
- PORTO, E. M. V. *et al.* Microrganismos promotores de crescimento de plantas como mitigadores do estresse hídrico em pastagens: uma revisão narrativa. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 11, p. 1-26, ago. 2022. DOI: 10.33448/rsd-v11i11.34029.
- POWLSON, D. S.; PROOKES, P. C.; CHRISTESEN, B. T. Measurement of soil microbial biomass provides an early indication of changes in total soil organic matter due to straw incorporation. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 19, n. 2, p. 159-164, 1987. DOI: 10.1016/0038-0717(87)90076-9.
- PRASHAR, P.; KAPOOR, N.; SACHDEVA, S. Rhizosphere: its structure, bacterial diversity and significance. **Reviews in Environmental Science and Bio/Technology**, Amesterdã. v. 13, n. 1, p. 63–77, jul. 2014. DOI: 10.1007/s11157-013-9317-z.
- PRESENTATO, A. *et al.* Processing of Metals and Metalloids by Actinomycetota: Cell Resistance Mechanisms and Synthesis of Metal(loid)-Based Nanostructures. **Microorganisms**, Basel, v. 8, n. 12, p. 1-37, dez. 2020. DOI: 10.3390/microorganisms8122027.
- PROTASOV, A. *et al.* The Aquatic Organisms Diversity, Community Structure, and Environmental Conditions. **Diversity**, Basel, v. 11, n. 10, p. 1-17, out. 2019. DOI: 10.3390/d11100190.
- QI, R. *et al.* Heavy metal(loid)s shape the soil bacterial community and functional genes of desert grassland in a gold mining area in the semi-arid region, **Environmental Research**, [s.l.], v. 214, n. 1, p. 1-10, nov. 2022. DOI: 10.1016/j.envres.2022.113749
- QUINTAES, B. R. *et al.* Uso de Ferramentas Moleculares para Estudos de Comunidades Microbianas em Lixiviado de Aterro de Resíduos Sólidos Urbanos. **Revista Brasileira de Ciências Ambientais**, Rio de Janeiro v. 31, n. 1, p. 30-42, mar. 2014. ISSN 1808-4524.

RAIJ, B. V. *et al.* **Análise Química para Avaliação da Fertilidade de Solos Tropicais.** Instituto Agronômico, Campinas, 285p. 2001. ISBN 85-85564-05-9

RAMOS, A. D. *et al.* **A cultura do caju.** Coleção plantar, 34. Brasília, DF: Serviço de Produção de Informação da Embrapa, 1996. 96 p.

RAMOS, A. D. *et al.* **Solos cultivados com cajueiro: características e limitações.** Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1997. 48p. EMBRAPA-CNPAT. Documentos, 21. ISSN: 0103-5797.

RAMOS, R. F. *et al.* Diversidade funcional de bactérias isoladas de solos rizosférico e não rizosférico em cultura de milho. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 17, n. 3, p. 417-427, jun. 2018. DOI: 10.5965/223811711732018417.

RAMTEKE, V. Evaluation of cashew (*Anacardium occidentale l.*) genotypes for nut yield traits in south Chhattisgarh, India, **Revista de Botânica Bangladesh**, Dhaka, v. 51, n. 1, p. 179-184, mar. 2022. DOI: 10.3329/bjb.v51i1.58835.

RASCHE, F. *et al.* Rhizosphere bacteria affected by transgenic potatoes with antibacterial activities compared with the effects of soil, wild-type potatoes, vegetation stage and pathogen exposure. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 56, n. 2, p. 219-235, mai. 2006. DOI: 10.1111/j.1574-6941.2005.00027.x.

REGE, A.; LEE, J. S. H. The socio-environmental impacts of tropical crop expansion on a global scale: A case study in cashew. **Biological Conservation**, v. 280, n. 109961, fev. 2023. DOI:10.1016/j.biocon.2023.109961

REIS JUNIOR, F. B.; MENDES, I. C. **Biomassa microbiana do solo.** Embrapa Cerrados, Brasília. dez. 2007. 40 p. ISSN: 1517-5111.

REYES, C. *et al.* Genome wide transcriptomic analysis of the soil ammonia oxidizing archaeon *Nitrososphaera viennensis* upon exposure to copper limitation. **The ISME Journal**, Londres, v. 14, n. 1, p. 2659-2674, nov. 2020. DOI: 10.1038/s41396-020-0715-2.

ROBIN, F. *et al.* Effect of ferritin overexpression in tobacco on the structure of bacterial and pseudomonad communities associated with the roots. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 58, n. 3, p. 492-502, dez. 2006. DOI: 10.1111/j.1574-6941.2006.00174.x

ROCHA, A. F. B. *et al.* Soil Quality Indicators in Agroecological Systems in the Cerrado of Minas Gerais, Brazil. **Sociedade & Natureza**, Uberlândia, v. 34, n. 1, p. 1-14, fev. 2022, DOI: 10.14393/SN-v34-2022-62940.

ROCHA, M. P. *et al.* Correlates of different facets and components of beta diversity in stream organisms. **Oecologia**, [s.l.], v. 191, n. 1, p. 919-929, out. 2019. DOI: 10.1007/s00442-019-04535-5., 2019

ROJO, M. J.; CARCEDO, S. G.; MATEOS, M. P. Distribution And Characterization Of Phosphatase And Organic Phosphorus In Soil Fractions. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 22, N. 2. p. 169-174. Jan. 1990.

ROSCOE, R. *et al.* Biomassa microbiana do solo: fração mais ativa da matéria orgânica. In: ROSCOE, R. *et al.* (Ed.). **Dinâmica da matéria orgânica do solo em sistemas conservacionistas: modelagem matemática e métodos auxiliares**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2006. p. 163-198.

SALEEM, A. A Brief Review of the Next Generation Sequencing. **Acta Scientific Veterinary Sciences**, Nova Deli, v. 2, n. 10, p. 02-05, out. 2020. ISSN: 2582-3183.

SANDEL, B. Richness-dependence of phylogenetic diversity indices. **Ecography**, Copenhagen, v. 41, n.5, p. 837-844, jan. 2018. DOI: 10.1111/ecog.02967.

SANDERS, H. L. Marine Benthic Diversity: A Comparative Study. **The American Naturalist**, Chicago, v. 102, n. 925, p. 243-282, mai. /jun. 1968. DOI: 10.1086/282541.

SANDIN, M. M.; ROMAC, S.; NOT, F. Intra-genomic rRNA gene variability of Nassellaria and Spumellaria (Rhizaria, Radiolaria) assessed by Sanger, MinION and Illumina sequencing, **Environmental Microbiology**, Londres, v. 24, n. 7, p. 2979-2993. 2022. DOI: 10.1111/1462-2920.16081.

SANTOS, A. *et al.* Computational methods for 16S metabarcoding studies using Nanopore sequencing data. **Computational and Structural Biotechnology Journal**, Estocolmo, v. 18, n. 1, p. 296-305, jan.2020. DOI: 10.1016/j.csbj.2020.01.005.

SANTOS, L. F.; OLIVARES, F. L. Plant microbiome structure and benefits for sustainable agriculture. **Current Plant Biology**, Amsterdã, v. 26, n. 1, p. 1-16, jun. 2021. DOI: 10.1016/j.cpb.2021.100198.

SANGER, F.; COULSON, A. R. A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. **Journal of Molecular Biology**, Londres, v. 94, n. 3, p. 441-448, mai. 1975. DOI: 10.1016/0022-2836(75)90213-2

SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Massachusetts, v. 74, n. 12, p. 5463-5467, dez. 1977. DOI: 10.1073/pnas.74.12.5463.

SANGER, F. *et al.* Nucleotide sequence of bacteriophage phi X174 DNA. **Nature**, Londres, v. 265, n. 5596, p. 687-695, fev. 1977. DOI: 10.1038/265687a0.

SANTOS, F. C. dos. **Caracterização Química, Física e Microbiológica de Solo Arenoso do Sudoeste Baiano**. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, v. 232, jul. 2019. 40 f. ISSN 1518-4277

SARDANS, J.; PEÑUELAS, J. Drought decreases soil enzyme activity in a Mediterranean *Quercus ilex* L. forest **Soil Biology & Biochemistry**, Londres, v. 37, n. 3, p. 455-461, mar.2005. DOI:10.1016/j.soilbio.2004.08.004.

- SAVADI, S. *et al.* De novo assembly and characterization of the draft genome of the cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Nature**, Londres, v. 12, n. 18187, p. 1-13, out. 2022. DOI: 10.1038/s41598-022-22600-7.
- SAXENA, A. K. *et al.* Bacillus species in soil as a natural resource for plant health and nutrition. **Journal of Applied Microbiology**, Londres, v. 128, n. 1, p. 1583-1594, out. 2019. DOI: 10.1111/jam.14506.
- SCHLOSS, P. D.; WESTCOTT, S. L. Assessing and improving methods used in operational taxonomic unit-based approaches for 16S rRNA gene sequence analysis. **Applied and environmental microbiology**, Washington, v. 77, n. 10, p. 3219-3226, mar. 2011. DOI: 10.1128/AEM.02810-10. 2011
- SCHLOTTER, M. *et al.* Microbial indicators for soil quality. **Biol Fertil Soils**, Berlin, v. 54, n. 1, p. 1-10, jan. 2018. DOI: 10.1007/s00374-017-1248-3.
- SCHREITER, S. *et al.* Soil Type Dependent Rhizosphere Competence and Biocontrol of Two Bacterial Inoculant Strains and Their Effects on the Rhizosphere Microbial Community of Field-Grown Lettuce. **PLoS ONE**, São Francisco, v. 9, n. 8, p. 1-11, ago. 2014. DOI: 10.1371/journal.pone.0103726.
- SCHUSTER, K. F.; TREMARIN, P. I.; SOUZA-FRANCO, G. M. de. Alpha and beta diversity of phytoplankton in two subtropical eutrophic streams in southern Brazil. **Acta Botanica Brasílica**, Brasília, v. 29, n. 4, p. 597-607, out-dez. 2015
- SEDRI, M. H. *et al.* Comparative Analysis of Plant Growth-Promoting Rhizobacteria (PGPR) and Chemical Fertilizers on Quantitative and Qualitative Characteristics of Rainfed Wheat. **Agronomy**, Basileia, v. 12, n. 7, p. 1-14, jun. 2022. DOI: 10.3390/agronomy12071524.
- SERRANO, L. A. P. *et al.* **Produção de Mudanças de Cajueiro ‘CCP 76’ em Diferentes Substratos e Doses de Adubo de Liberação Lenta (NPK 16-08-12)**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, n. 105. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 2015. 28 p. ISSN 1679-6543.
- SERRANO, L. A. P.; PESSOA, P. F. A de P. **Sistema de Produção do Caju**. Sistema de Produção Embrapa, n. 1. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 2016. 193 p. ISSN 1678-8702 1
- SERRANO, L. A. L.; MELO, D. S.; VIDAL NETO, F. das C. **Genótipos de Cajueiros Cultivados na Fazenda Planalto, em Pio IX, PI: caracterização morfométrica dos caju**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, n. 128. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, abr. 2017. 21 p. ISSN 1679-6543.
- SERRANO, L. A. P. *et al.* **Aplicação de Calcário e Gesso Agrícola na Produção de Porta-enxerto de Cajueiro ‘CCP 06’ e Mudanças de Cajueiro-anão ‘CCP 76’**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 159. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 2018a. 31 p. ISSN 1679-6543.
- SERRANO, L. A. P. *et al.* **Crescimento e Acúmulo de Nutrientes de Mudanças de Cajueiro-anão ‘CCP 76’ Produzidas em Diferentes Substratos e Doses de Adubo de Liberação**

Controlada (NPK 13-06-16). Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 154. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 2018b. 42 p. ISSN 1679-6543.

SHAFIEE, R. T. *et al.* Marine ammonia-oxidising archaea and bacteria occupy distinct iron and copper niches. **ISME Communications**, Londres, v. 1, n. 1, p. 1-12, mar. 2021. DOI: 10.1038/s43705-021-00001-7

SHENG, Y. *et al.* The Important Role of Enzyme Adsorbing Capacity of Soil Minerals in Regulating β -Glucosidase Activity. **Geophysical Research Letters**, Washington, v. 49, n. 6, p. 1-11, mar. 2022. DOI: 10.1029/2021GL097556

SHET, S. A.; GARG, S. Plant Growth Promotion of *Vigna unguiculata* in Arid Sandy Soil Using Bacterial Species from Coastal Sand Dune. **Agricultural Research**, v. 11, n. 1, p. 716–727 (2022). DOI: 10.1007/s40003-022-00613-y.

SILVA, G. A. *et al.* Aspectos dos atributos físicos e químicos do solo em ambientes naturais e áreas com sistema agroflorestal no sul do Amazonas. **Scientia plena**, São Cristóvão, v. 18, n. 7, p. 1-12, jul. 2022. DOI: 10.14808/sci.plena.2022.070205

SILVA, A. F. *et al.* Higher turnover of endophytic fungal assemblages in the tissues of globose cactus *Melocactus ernestii* from Brazilian semi-arid biome. **Symbiosis, Philadelphia**, v. 85, n. 1, p. 79–91, jul. 2021a. DOI: 10.1007/s13199-021-00795-z.

SILVA, M. de O. *et al.* Soil quality: biological indicators for sustainable management. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 1, p. 6853-6875, jan. 2021b. DOI:10.34117/bjdv7n1-463.

SILVA, P. O da. *et al.* Phenology of *Anacardium Occidentale* (Anacardiaceae) and relationship with climatic factors. **Floresta**, Curitiba, v. 49, n. 1, p. 069-078, jan./mar. 2019. DOI: 10.5380/rf.v49i1.56310.

SILVA, S. A. S. da. *et al.* Avaliação da matéria orgânica e pH do solo em sistemas agroflorestais localizados na região de Altamira-PA. **Agrarian Academy**, Goiânia, v. 1, n. 2, p. 15-25, dez. 2014. Disponível em: <https://conhecer.org.br/ojs/index.php/agrarian/article/view/5195>. Acesso em: 22 mar. 2023.

SILVA, R. R. D. *et al.* Biomassa e atividade microbiana em solos sob diferentes sistemas de manejo na região fisiográfica campos das vertentes - MG. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 34, n. 5, p. 1585-1592, out. 2010. DOI: 10.1590/S0100-06832010000500011.

SILVA, E. E.; AZEVEDO, P. H. S.; DE-POLLI, H. Determinação da respiração basal e quociente metabólico do solo (qCO₂). **Embrapa Agroecologia**, Seropédica, Comunicado Técnico, v. 99, ago. 2007. ISSN: 1517-8862.

SILVA, F.C. da. *et al.* Métodos de análises químicas para a avaliação da fertilidade do solo. In: SILVA, F.C. DA. **Manual de análises químicas de solos, plantas e fertilizantes do solo**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009. p.130- 134.

ŠIMANSKÝ, V.; KOVÁČIK, P.; JONCZAK, J. The effect of different doses of N fertilization on the parameters of soil organic matter and soil sorption complex. **Journal of**

Ecological Engineering, Lublin, v. 18, n. 3, p. 104-111, mai. 2017. DOI: 10.12911/22998993/69366.

SINDHU, M. R.; POTTY, V. P. Biodegradation of cashew nut shell liquid by *Delftia acidovorans* and *Pseudomonas aeruginosa* isolated from marine environment. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**, New Delhi, v. 8, n.4, p. 837-846, dez. 2015. DOI: 10.5958/2230-732X.2015.00094.7.

SKOPINA M. *et al.* Diversity at low abundance: the phenomenon of the rare bacterial biosphere. **Microbiology**, [s.l.], v. 85, n. 3, p. 272–282, jun. 2016. DOI: 10.1134/S0026261716030139

SLEZACK-DESCHAUMES, S. *et al.* Dynamics of cultivable arylsulfatase-producing bacterial and fungal communities along the phenology of field-grown rape. **European Journal of Soil Biology**, Paris, v. 48, n. 1, p. 66-72, jan.-fev. 2012. DOI: 10.1016/j.ejsobi.2011.07.014

SMERCINA, D, N. *et al.* Temporal dynamics of free-living nitrogen fixation in the switchgrass rhizosphere. **GCB Bioenergy**, Chicago, v.13, n. 1, p. 1814–1830, ago. 2021. DOI: 10.1111/gcbb.12893.

SOUSA, T. L. T. L. *et al.* Aspectos nutricionais do caju e panorama econômico da Cajucultura. **Research, Society and Development**, Vargem Grande Paulista, v. 10, n. 11, p. 1-8, ago. 2021. DOI: 10.33448/rsd-v10i11.19435.

SOUSA FILHO, H. M de. *et al.* Barreiras às novas formas de coordenação no agrossistema do caju na região nordeste, Brasil. **Gestão & Produção**, São Carlos, v. 17, n. 2, p. 229-244, mai. 2010.

SOUZA FILHO, H. M. de *et al.* Barreiras às novas formas de coordenação no agrossistema do caju na região nordeste, Brasil. **Gestão & Produção**, São Carlos, v. 17, n. 2, p. 229-244, mai. 2010. DOI: 10.1590/S0104-530X2010000200002.

SOUZA, A. G. V. *et al.* Microbiological attributes of the soil under eucalyptus areas and seasonal forests. **Scientia Forestalis**, Viçosa, v. 49, n. 132, p. 1-14, abr. 2021. DOI: 10.18671/scifor.v49n132.03.

SOUZA JÚNIOR, S. L. de; PEREIRA, D. D.; CARTAXO, P. H. de A.; ARAÚJO, J. R. W. S.; SANTOS, J. P. de O. Inter-annual dynamics (2001-2020) of a cashew crop in the municipality of Jacaraú, Paraíba, Brazil. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia, v. 9, n. 1, p. 1-7, mar. 2022. DOI: 10.32404/rean.v9i1.6788.

SPARLING, G.P. Ratio of microbial biomass carbon to soil organic carbon as a sensitive indicator of changes in soil organic matter. **Australian Journal of Soil Research**, Sydney, v. 30, n. 2, p. 195-207, jan. 1992. DOI:10.1071/SR9920195.

SPERA, S. T. *et al.* Solos areno-quartzosos no cerrado: características, problemas e limitações ao uso. **Embrapa Cerrados**, Planaltina, n.7, p. 1-48, dez. 1999. ISSN: 1517-5111

- SPOHN, M. *et al.* Distribution of phosphatase activity and various bacterial phyla in the rhizosphere of *Hordeum vulgare* L. depending on P availability. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres. v. 89, n. 1, p. 44–51, out. 2015. DOI: 10.1016/j.soilbio.2015.06.018.
- SRINIVASA RAO, C. *et al.* Soil Enzymes. In: LAL, R. (Ed.), **Encyclopedia of Soil Science**, 3 ed., Taylor & Francis, p. 2100–2107, nov. 2017. ISBN: 9781498738903.
- SRINIVASAN, S.; BATRA, J. Four Generations of Sequencing- Is it ready for the Clinic Yet?. **Journal of Next Generation Sequencing & Applications**, Bruxelas, v. 1, n. 1, p. 1-8, jul. 2014. DOI: 10.4172/2469-9853.1000107
- STALEY, J. T.; KONOPKA, A. Measurement of in situ activities of nonphotosynthetic microorganisms in aquatic and terrestrial habitats. **Annual Review of Microbiology**, Santa Clara, v. 39, n. 1, p. 321-346, jan. 1985. DOI: 10.1146/annurev.mi.39.100185.001541
- STIEVEN, A. C. *et al.* Atributos do solo em sistemas diferenciados de uso e manejo do solo em Mato Grosso, MT, Brasil. **Colloquium Agrariae**, Presidente Prudente, v. 16, n. 2, p. 1-15, mar./abr. 2020. DOI: 10.5747/ca.2020.v16.n2.a354.
- TABATABAI, M. A. Soil enzymes. In: WEAVER, R. W.; SCOTT, A.; BOTTOMELEY, P. J. (Eds.). **Methods of soil analysis: microbiological and biochemical properties**. Madison, Soil Science Society of America, 1994. p.778-835. (Special Publication, 5)
- TANIGUCHI, C. A. K. *et al.* **Efeitos do alumínio no desenvolvimento de mudas de cajueiro**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 178. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 2018. 20 p. ISSN 1679-6543.
- TARIQ, M. *et al.* Biological control: a sustainable and practical approach for plant disease management. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section B — Soil & Plant Science**, Londres, v. 70, n. 6, p. 507-524, jan. 2020. DOI:10.1080/09064710.2020.1784262.
- TEIXEIRA, P. C. *et al.* **Manual de métodos de análise de solo**. 3. ed. rev. e ampl. Brasília, DF: Embrapa. 573 p. 2017
- TIAN, J. *et al.* Impact of land use and nutrient addition on phosphatase activities and their relationships with organic phosphorus turnover in semi-arid grassland soils. **Biology and Fertility of Soils**, Berlim, v. 52, n. 1, p. 675–683, jan. 2016. DOI: 10.1007/s00374-016-1110-z.
- TOGNON, A. A.; DEMATTÊ, J. L. I.; DEMATTÊ, J. A. M. Organic matter content and distribution of Amazonian and "cerrado" latosols. **Scientia Agricola**, Londrina, v. 55, n. 3, mar. 1998. DOI: 10.1590/S0103-90161998000300001.
- TONG, A. Z. *et al.* Diversity and composition of the *Panax ginseng* rhizosphere microbiome in various cultivation modes and ages. **BMC Microbiology**, Londres, v. 21, n. 18, p. 1-13, jan. 2021. DOI: 10.1186/s12866-020-02081-2.
- TOSI, M. *et al.* It takes three to tango: the importance of microbes, host plant, and soil management to elucidate manipulation strategies for the plant microbiome. **Canadian**

Journal of Microbiology, Ottawa, v. 66, n. 1, p. 413-433, mai. 2020. DOI:10.1139/cjm-2020-0085.

TOURNA, M. *et al.* Nitrososphaera viennensis, an ammonia oxidizing archaeon from soil. **PNAS**, Londres, v. 108, n. 20, p. 8420-8425, mai. 2011. DOI:10.1073/pnas.1013488108.

TROGNITZ, F. *et al.* The role of plant–microbiome interactions in weed establishment and control. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 92, n. 10, p. 1-15, out. 2016. DOI: 10.1093/femsec/fiw138.

TURNER, B. *et al.* β -Glucosidase activity in pasture soils. **Applied Soil Ecology**, Amsterdã, v. 20, n. 2, p. 157-162, mai. 2002. DOI: 10.1016/S0929-1393(02)00020-3.

URAMOTO, K.; WALDER, J. M. M.; ZUCCHI, R. A. Análise Quantitativa e Distribuição de Populações de Espécies de Anastrepha (Diptera: Tephritidae) no Campus Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP. Ecology, **Neotropical Entomology**, Viçosa, v. 36, n. 6, p. 685-691, dez. 2004. DOI:

VAL-MORAES, S. P. *et al.* Diversidade de bactérias de solo sob vegetação natural e cultivo de hortaliças. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 40, n. 1, p. 7-16, jan-mar. 2009. ISSN: 1806-6690. Disponível em: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=195318130002>. Acesso em: 23 de mar. de 2023.

VAZQUEZ, E. *et al.* Long-term effects of no tillage and Ca-amendment on the activity of soil proteases and β -glucosidase in a Mediterranean agricultural field. **European Journal of Soil Biology**, Paris, v. 95, n. 103135, p. 1-8, nov.-dez. 2019. DOI: 10.1016/j.ejsobi.2019.103135

VENTURA, M. V. A. **Atributos bioquímicos em diferentes sistemas de manejo do solo**. Orientador: SOUCHIE, E. L. FEV. 2022. 83 f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias – Agronomia, Instituto Federal Goiano, Rio Verde, 2022. Disponível em: <https://repositorio.ifgoiano.edu.br/handle/prefix/2424>. Acesso em: 14 mar. 2023.

VIDAL NETO, F. C. *et al.* Melhoramento genético e cultivares de cajueiro. In: ARAÚJO, J. P. P. (Ed.). **Agronegócio caju: práticas e inovações**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. parte 7, capítulo 2, p. 481-508.

VIOLLE, C. *et al.* Let the concept of trait be functional!. *Oikos*, [s.l.], v. 116, n. 5, p. 882-892, mai. 2007. DOI: 10.1111/j.0030-1299.2007.15559.x

VORONEY, R. P. The soil habitat. In: PAUL, E. A. (Ed.). 3rd Edition. **Soil microbiology and biochemistry**. Oxford: Elsevier, 2007. p. 25-52.

VRIES, F. T. de; SHADE, A. Controls on soil microbial community stability under climate change. *Frontiers in Microbiology*, Lausanne, v. 4, n. 265, p. 1-16, set. 2013. DOI: 10.3389/fmicb.2013.00265

WAGG, C. *et al.* Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning. **Nature Communications**, Londres, v. 10, n. 4841, p. 1-10, out. 2019. DOI: 10.1038/s41467-019-12798-y.

WANG, L.; XIONG, X. Long-Term Organic Manure Application Alters Urease Activity and Ureolytic Microflora Structure in Agricultural Soils, **Agronomy**, Basileia, v. 12, n. 12, p. 1-10, nov. 2022. DOI: 10.3390/agronomy12123018

WANG, T. *et al.* Effects of Soil Acidification on Bacterial and Fungal Communities in the Jiaodong Peninsula, Northern China. **Agronomy**, Basileia, v. 12, n. 4, p. 1-11, abr. 2022. DOI: 10.3390/agronomy12040927

WANG, X. *et al.* Identification of microbial strategies for labile substrate utilization at phylogenetic classification using a microcosm approach. **Soil Biology and Biochemistry**, Londres, v. 153, n. 107970, p. 1–8, fev. 2021. DOI:10.1016/j.soilbio.2020.107970

WANG, H. C.; HICKEY, D. A. Evidence for strong selective constraint acting on the nucleotide composition of 16S ribosomal RNA genes. **Nucleic Acids Research**, Londres, v. 30, n. 11, p. 2501-2507, mar. 2002.

WANG, L. *et al.* Characterizing the bacterial community across the gastrointestinal tract of goats: Composition and potential function. **MicrobiologyOpen**, Londres, v. 8, n. 9, p. 1-12, set. 2019. DOI: 10.1002/mbo3.820.

WANG, X. *et al.* Scale-dependent effects of climate and geographic distance on bacterial diversity patterns across northern China's grasslands. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 91, n. 12, p. 1-10, dez. 2015a. DOI: 10.1093/femsec/fiv133

WANG, R. *et al.* Responses of enzymatic activities within soil aggregates to 9-year nitrogen and water addition in a semi-arid grassland. **Soil Biology & Biochemistry**, Londres, v. 81, n. 1 p. 159-167, fev. 2015b. DOI: 10.1016/j.soilbio.2014.11.01500380717.

WARDLE, D. A. 1994. Metodologia para a quantificação da biomassa microbiana do solo. p. 419-436. In HUNGRIA, M.; ARAÚJO, R. S. (Ed.). **Manual de métodos empregados em estudos de microbiologia agrícola**. Embrapa-SPI, Brasília. 1994. 312 p.

WEI, K. *et al.* Effects of mineral phosphorus fertilizer reduction and maize straw incorporation on soil phosphorus availability, acid phosphatase activity, and maize grain yield in northeast China, **Archives of Agronomy and Soil Science**, Londres, v. 67, n. 1, p. 66-78, out. 2021. DOI: 10.1080/03650340.2020.1714031

WEISS, S. *et al.* Normalization and microbial differential abundance strategies depend upon data characteristics. **Microbiome**, Londres, v. 5, n. 27, p. 1-18, dez. 2017. DOI: 10.1186/s40168-017-0237-y.

WILLIAMS, K. P.; SOBRAL, B. W.; DICKERMAN, A. W. A robust species tree for the Alphaproteobacteria. **Journal of Bacteriology**, [s.l.], v. 189, n. 13, p. 4578-4586, jul. 2007. DOI: 10.1128/JB.00269-07

WILLIS, A. D. Rarefaction, Alpha Diversity, and Statistics. **Frontiers in Microbiology**, Lausanne, v. 10, n. 1, p. 1-5, out. 2019. DOI:10.3389/fmicb.2019.02407.

- WOESE, C. R.; KANDLER, O.; WHEELIS, M. L. Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 87, n. 1, p. 4576-4579, jun. 1990. DOI: 10.1073/pnas.87.12.4576
- WU, R. N. *et al.* Functional dominance and community compositions of ammonia-oxidizing archaea in extremely acidic soils of natural forests. **Applied Microbiology and Biotechnology**, Berlin, v. 103, n. 1, p. 4229-4240, mar. 2019. DOI: 10.1007/s00253-019-09721-2.
- WU, S. *et al.* The Immediate Hotspot of Microbial Nitrogen Cycling in an Oil-Seed Rape (*Brassica campestris* L.) Soil System Is the Bulk Soil Rather Than the Rhizosphere after Biofertilization. **Microorganisms**, Basileia, v. 10, n. 2, p. 1-7, jan. 2022. DOI: 10.3390/microorganisms10020247
- WYSZKOWSKA, J., KUCHARSKI, M., KUCHARSKI, J. Activity of β -glucosidase, arylsulfatase and phosphatases in soil contaminated with copper. **Journal of Elementology**, Varsóvia, v. 15, n. 1, p. 213-226. mar. 2010. DOI: 10.5601/jelem.2010.15.1.213-226.
- XAVIER, C. R. *et al.* Aspectos produtivos da cajucultura e aproveitamento integral de derivados de caju no processamento agroindustrial. **Revista Científica Multidisciplinar**, Jundiá, v. 3, n. 8, p. 1-24, ago. 2022. DOI: 10.47820/recima21.v3i8.1792.
- XUE, Y. *et al.* Effects of silver nanoparticle size, concentration and coating on soil quality as indicated by arylsulfatase and sulfite oxidase activities. **Pedosphere**, [s.l.], v. 32, n. 5, p. 733-743, out. 2022. DOI: 10.1016/j.pedsph.2022.06.006.
- YADAV, A. N. *et al.* Biodiversity, and biotechnological contribution of beneficial soil microbiomes for nutrient cycling, plant growth improvement and nutrient uptake. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnolog**, Amsterdã v. 33, n.1, p. 1-14, mai. 2021. DOI: 10.1016/j.bcab.2021.102009.
- YANG, J. *et al.* Effects of Applying Different Organic Materials on Grain Yield and Soil Fertility in a Double-Season Rice Cropping System, **Agronomy**, Basileia, v. 12, n. 11, p. 1-14, out. 2022a. DOI: 10.3390/agronomy12112838
- YANG, W. *et al.* Increased soil bacterial abundance but decreased bacterial diversity and shifted bacterial community composition following secondary succession of old-field, **Floresta**, Curitiba, v. 13, n. 10, p. 1-22, out. 2022b. DOI: 10.3390/f13101628.
- YOU, X. Hydrochar more effectively mitigated nitrous oxide emissions than pyrochar from a coastal soil of the Yellow River Delta, China. **Science of The Total Environment**, Amsterdã, v. 858, n. 1, p. 1-13, fev. 2023. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.159628
- YOUSSEF, N. H.; ELSHAHED, M. S. Species richness in soil bacterial communities: A proposed approach to overcome sample size bias. **Journal of Microbiological Methods**, Amsterdam, v. 75, n. 1, p. 86-91, set. 2008. DOI: 10.1016/j.mimet.2008.05.009.

ZHANG, Y. *et al.* Effect of Rice-Straw Biochar Application on the Acquisition of Rhizosphere Phosphorus in Acidified Paddy Soil. **Agronomy**, Basileia, v. 12, n.7, p. 1-12, jun. 2022. DOI: 10.3390/agronomy12071556.

ZHAO, S. *et al.* Prediction and characterization of enzymatic activities guided by sequence similarity and genome neighborhood networks. **eLife**, Cambridge, P. 1-32, jun. 2014. DOI: 10.7554/eLife.03275.

**APÊNDICE A – ANÁLISE INICIAL DA QUALIDADE DAS AMOSTRAS DE SOLO
ADJACENTE À RIZOSFERA DE CAJUEIRO SEQUENCIADAS**

**ANÁLISE INICIAL DA QUALIDADE DAS AMOSTRAS DE SOLO ADJACENTE À
RIZOSFERA DE CAJUEIRO SEQUENCIADAS**

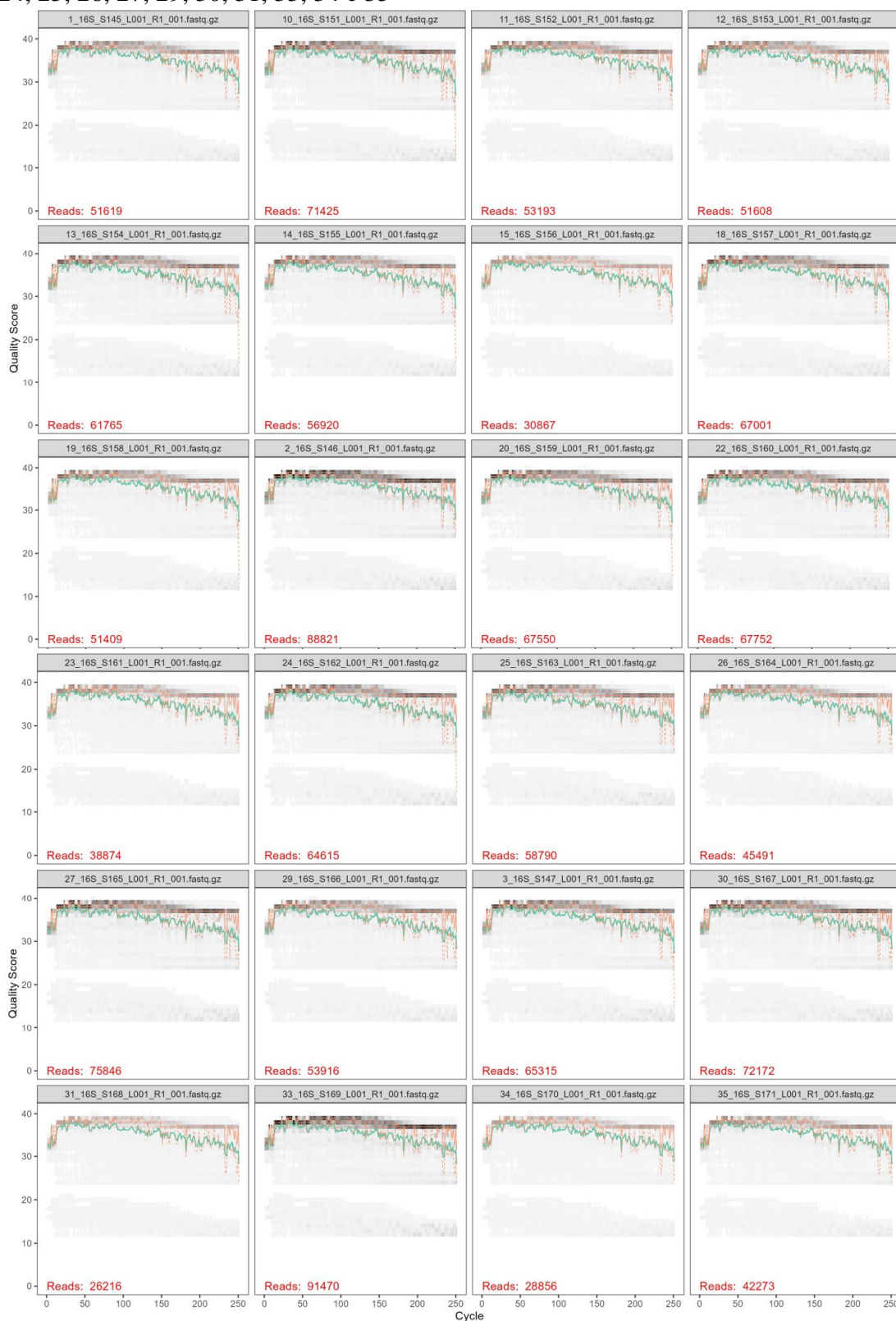
Tabela A1 – Relação entre o código utilizado para as amostras e a descrição dos tratamentos relacionados

Código	Tratamento				Código	Tratamento			
	Região	Genótipo	Manejo	Estação		Região	Genótipo	Manejo	Estação
1	Pio IX	CCP 76	Com	Seca	50	Serra do Mel	CCP 76	Com	Seca
2	Pio IX	CCP 76	Com	Seca	51	Serra do Mel	CCP 76	Com	Seca
3	Pio IX	CCP 76	Com	Seca	52	Serra do Mel	CCP 76	Com	Seca
5	Pio IX	CCP 76	Sem	Seca	53	Serra do Mel	CCP 76	Sem	Seca
6	Pio IX	CCP 76	Sem	Seca	54	Serra do Mel	CCP 76	Sem	Seca
7	Pio IX	CCP 76	Sem	Seca	56	Serra do Mel	CCP 76	Sem	Seca
10	Pio IX	Comum	Sem	Seca	58	Serra do Mel	Comum	Sem	Seca
11	Pio IX	Comum	Sem	Seca	59	Serra do Mel	Comum	Sem	Seca
12	Pio IX	Comum	Sem	Seca	60	Serra do Mel	Comum	Sem	Seca
13	Pio IX	CCP 76	Com	Chuvosa	61	Serra do Mel	CCP 76	Com	Chuvosa
14	Pio IX	CCP 76	Com	Chuvosa	62	Serra do Mel	CCP 76	Com	Chuvosa
15	Pio IX	CCP 76	Com	Chuvosa	63	Serra do Mel	CCP 76	Com	Chuvosa
18	Pio IX	CCP 76	Sem	Chuvosa	66	Serra do Mel	CCP 76	Sem	Chuvosa
19	Pio IX	CCP 76	Sem	Chuvosa	67	Serra do Mel	CCP 76	Sem	Chuvosa
20	Pio IX	CCP 76	Sem	Chuvosa	68	Serra do Mel	CCP 76	Sem	Chuvosa
22	Pio IX	Comum	Sem	Chuvosa	69	Serra do Mel	Comum	Sem	Chuvosa
23	Pio IX	Comum	Sem	Chuvosa	70	Serra do Mel	Comum	Sem	Chuvosa
24	Pio IX	Comum	Sem	Chuvosa	71	Serra do Mel	Comum	Sem	Chuvosa
25	Pacajus	CCP 76	Com	Seca	74	Beberibe	CCP 76	Com	Seca
26	Pacajus	CCP 76	Com	Seca	75	Beberibe	CCP 76	Com	Seca
27	Pacajus	CCP 76	Com	Seca	76	Beberibe	CCP 76	Com	Seca
29	Pacajus	CCP 76	Sem	Seca	78	Beberibe	CCP 76	Sem	Seca
30	Pacajus	CCP 76	Sem	Seca	79	Beberibe	CCP 76	Sem	Seca

31	Pacajus	CCP 76	Sem	Seca	80	Beberibe	CCP 76	Sem	Seca
33	Pacajus	Comum	Sem	Seca	81	Beberibe	Comum	Sem	Seca
34	Pacajus	Comum	Sem	Seca	82	Beberibe	Comum	Sem	Seca
35	Pacajus	Comum	Sem	Seca	83	Beberibe	Comum	Sem	Seca
37	Pacajus	CCP 76	Com	Chuvosa	85	Beberibe	CCP 76	Com	Chuvosa
38	Pacajus	CCP 76	Com	Chuvosa	86	Beberibe	CCP 76	Com	Chuvosa
39	Pacajus	CCP 76	Com	Chuvosa	87	Beberibe	CCP 76	Com	Chuvosa
41	Pacajus	CCP 76	Sem	Chuvosa	89	Beberibe	CCP 76	Sem	Chuvosa
43	Pacajus	CCP 76	Sem	Chuvosa	90	Beberibe	CCP 76	Sem	Chuvosa
44	Pacajus	CCP 76	Sem	Chuvosa	91	Beberibe	CCP 76	Sem	Chuvosa
45	Pacajus	Comum	Sem	Chuvosa	93	Beberibe	Comum	Sem	Chuvosa
46	Pacajus	Comum	Sem	Chuvosa	94	Beberibe	Comum	Sem	Chuvosa
47	Pacajus	Comum	Sem	Chuvosa	96	Beberibe	Comum	Sem	Chuvosa

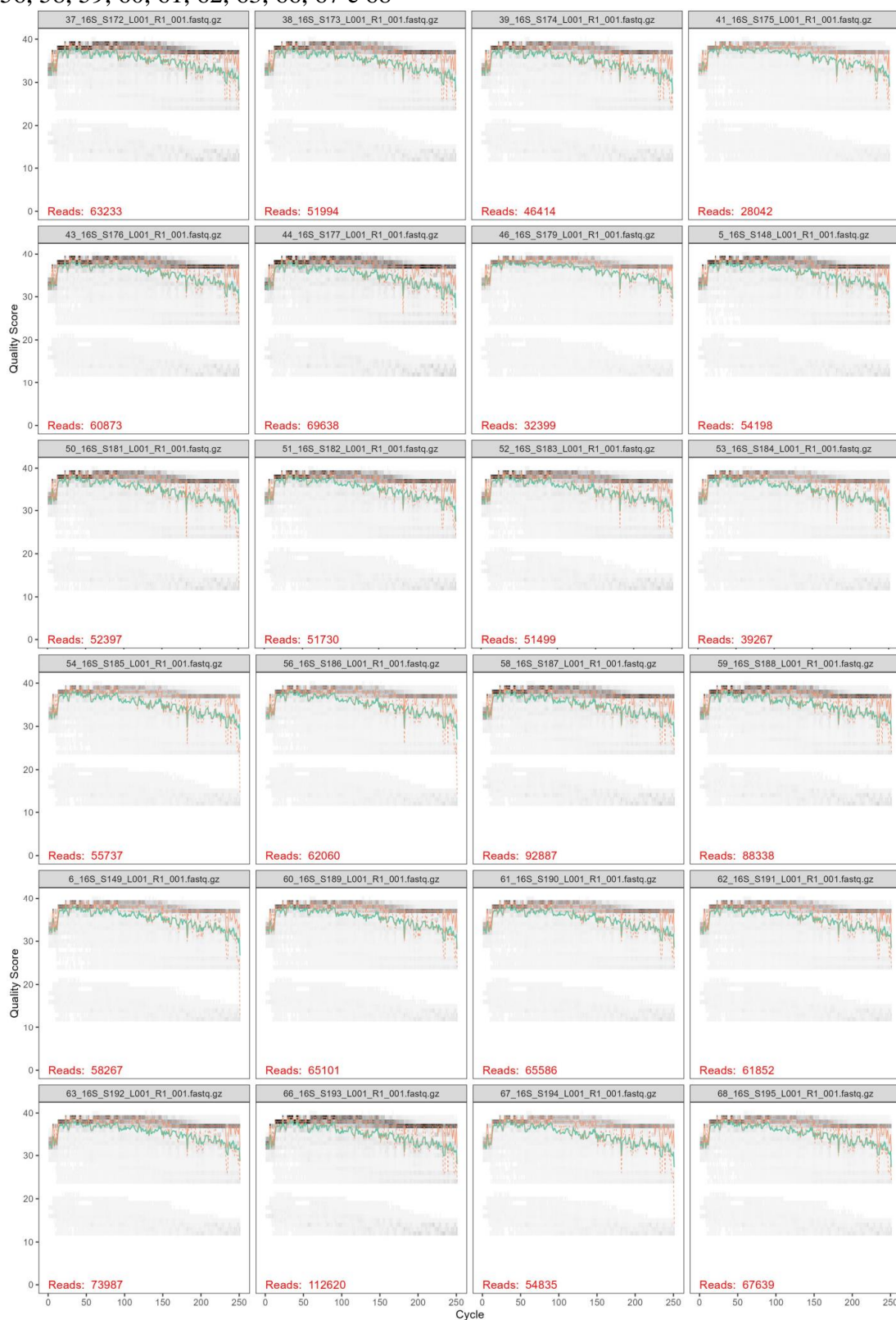
Fonte: Autor.

Figura A1 – Análise inicial da qualidade forward das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 1, 2, 3, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29, 30, 31, 33, 34 e 35



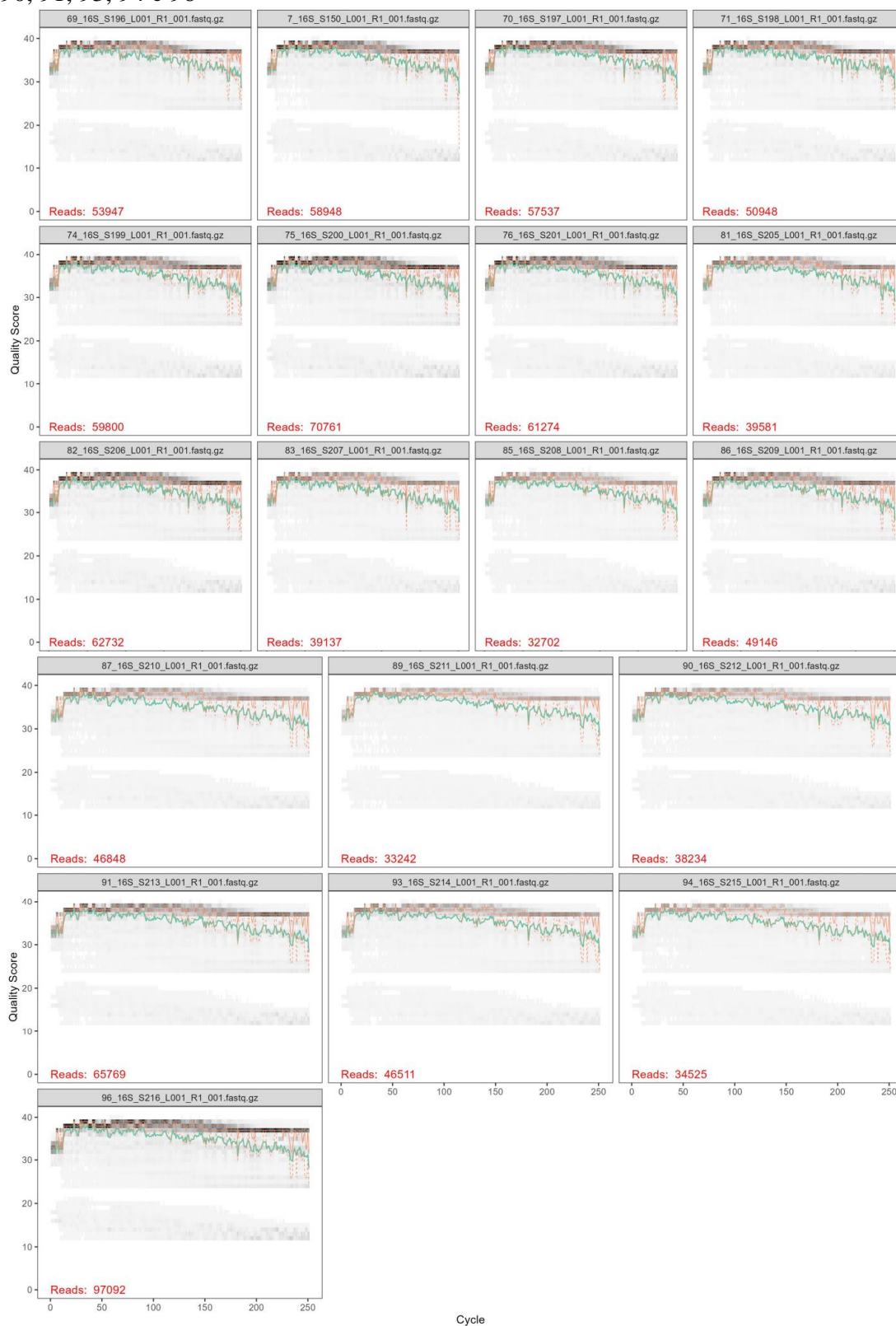
Fonte: Autor.

Figura A2 – Análise inicial da qualidade forward das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 5, 6, 37, 38, 39, 41, 43, 44, 46, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 66, 67 e 68



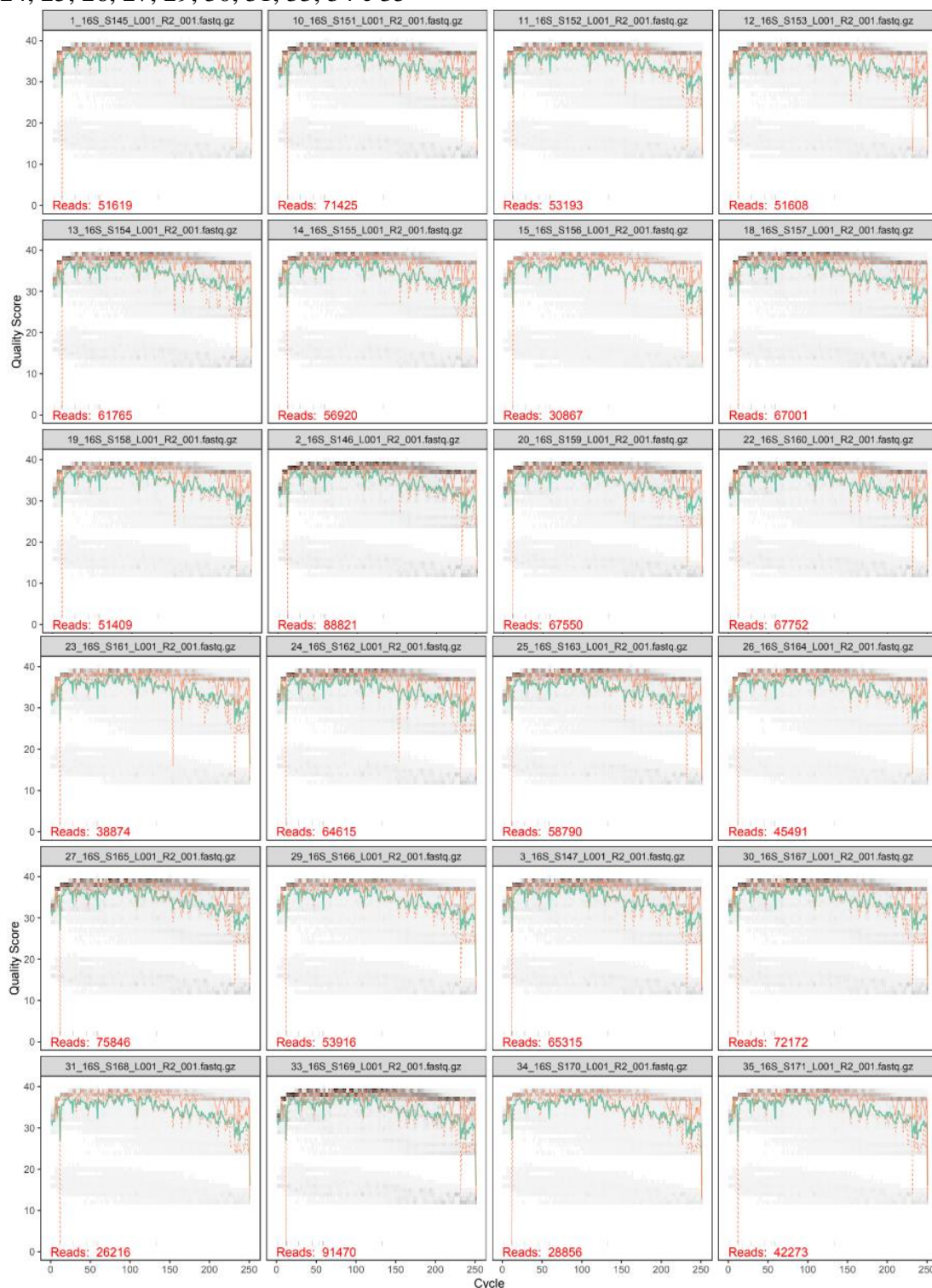
Fonte: Autor.

Figura A3 – Análise inicial da qualidade forward das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 7, 69, 70, 71, 74, 75, 76, 81, 82, 83, 85, 86, 87, 89, 90, 91, 93, 94 e 96



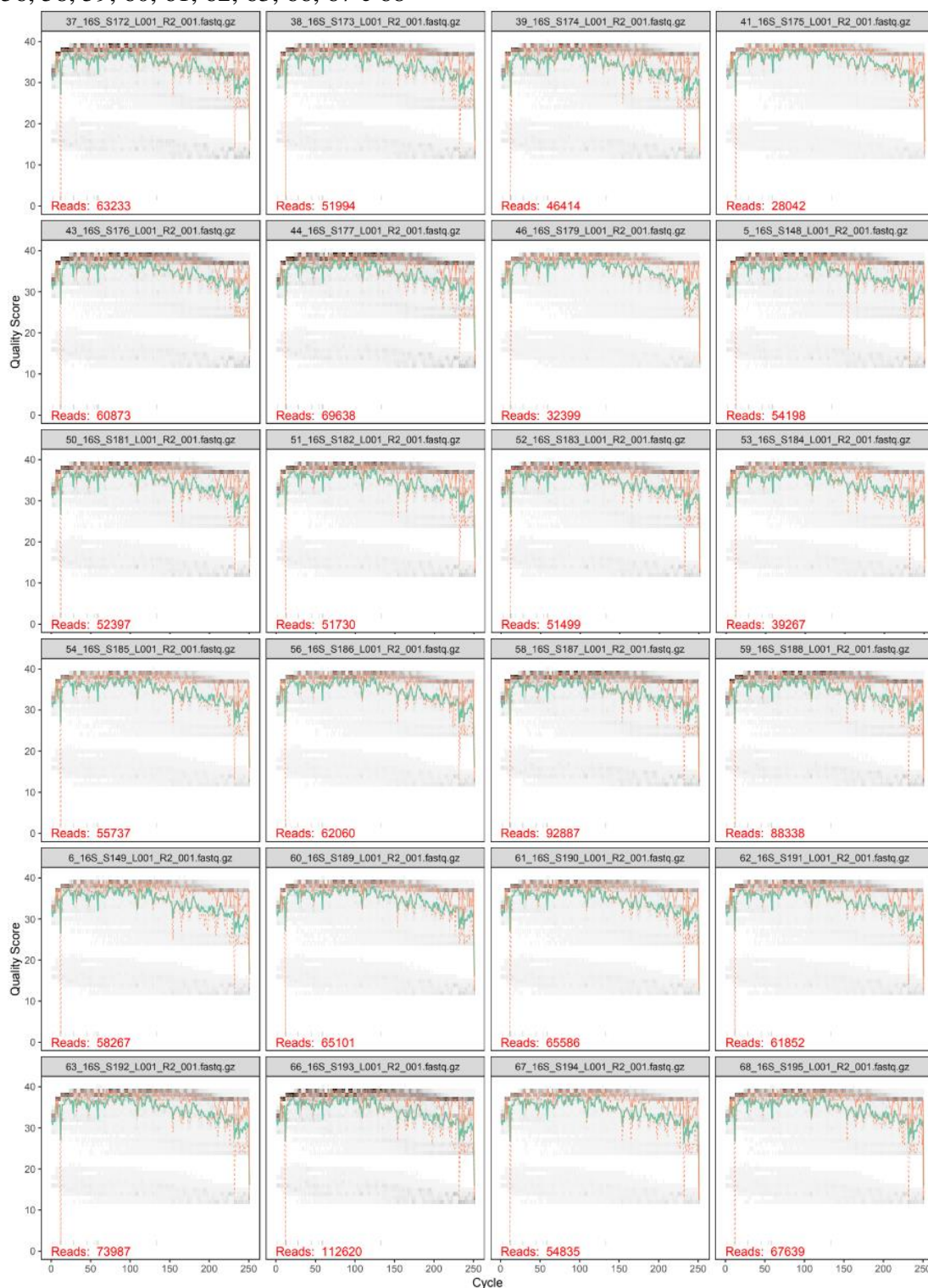
Fonte: Autor.

Figura A4 – Análise inicial da qualidade reverse das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 1, 2, 3, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29, 30, 31, 33, 34 e 35



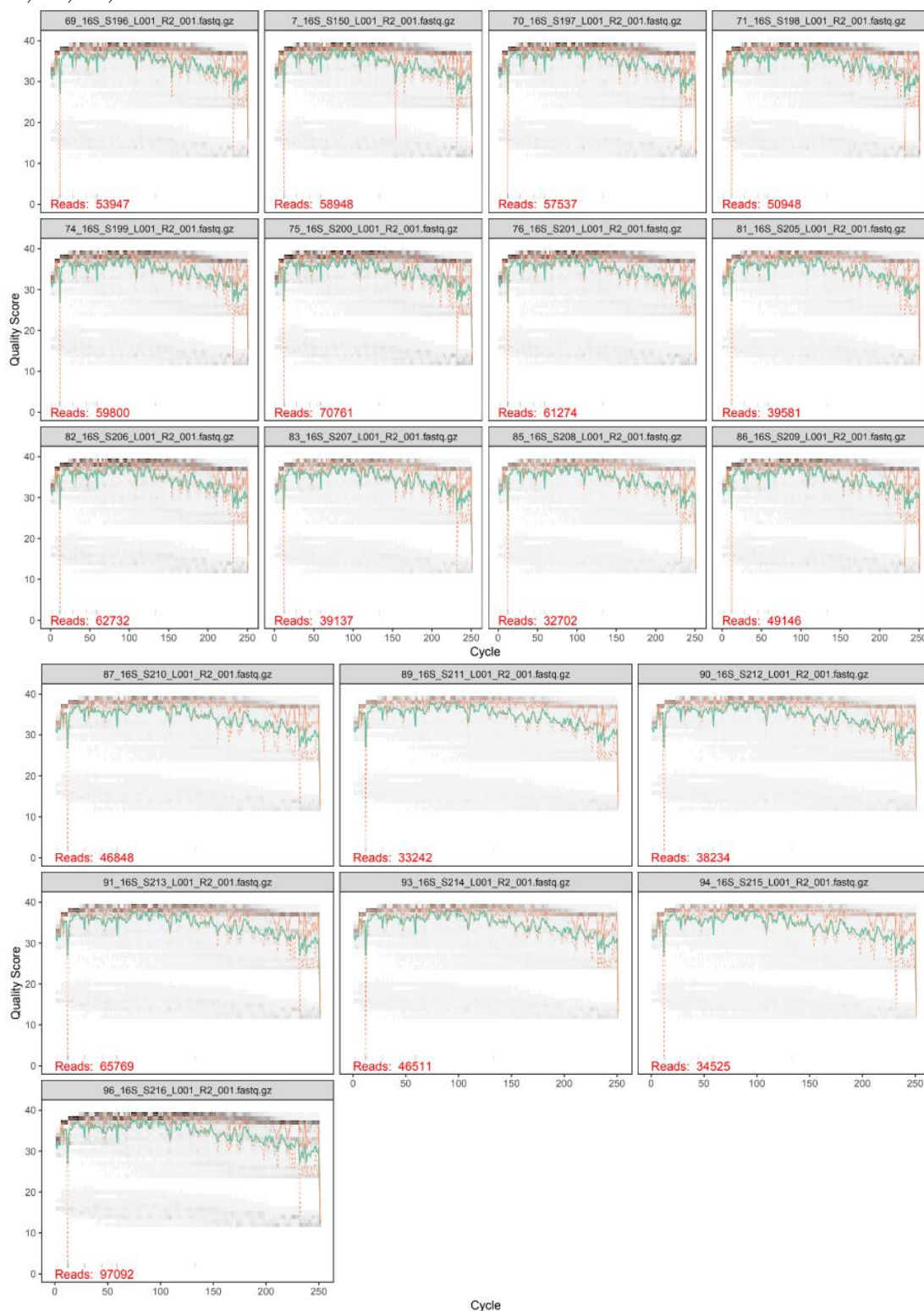
Fonte: Autor.

Figura A5 – Análise inicial da qualidade reverse das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 5, 6, 37, 38, 39, 41, 43, 44, 46, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 66, 67 e 68



Fonte: Autor.

Figura A6 – Análise inicial da qualidade reverse das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 7, 69, 70, 71, 74, 75, 76, 81, 82, 83, 85, 86, 87, 89, 90, 91, 93, 94 e 96

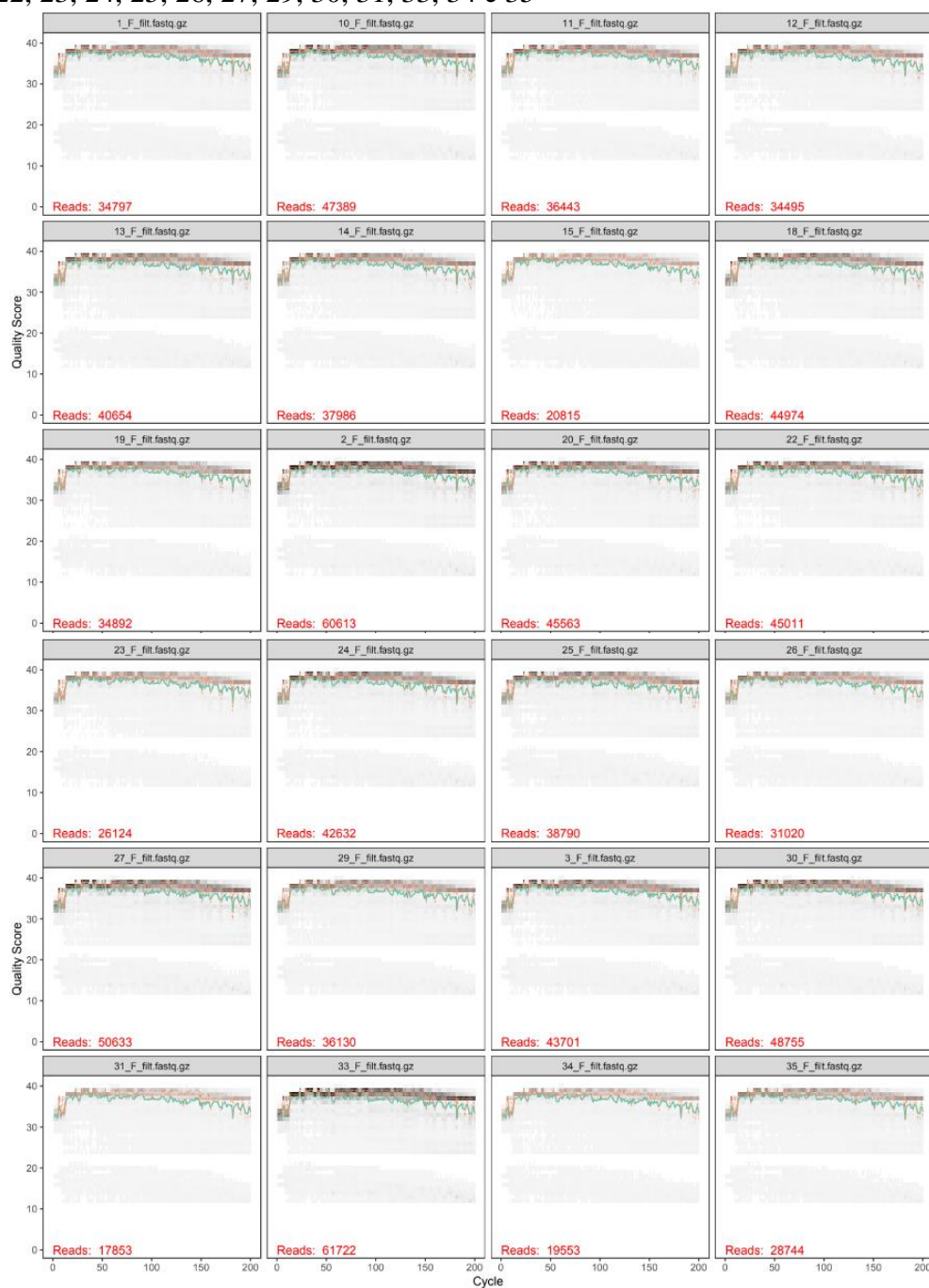


Fonte: Autor.

APÊNDICE B – FILTRAGEM DAS AMOSTRAS DE SEQUENCIAMENTO DAS LEITURAS FORWARD E REVERSE

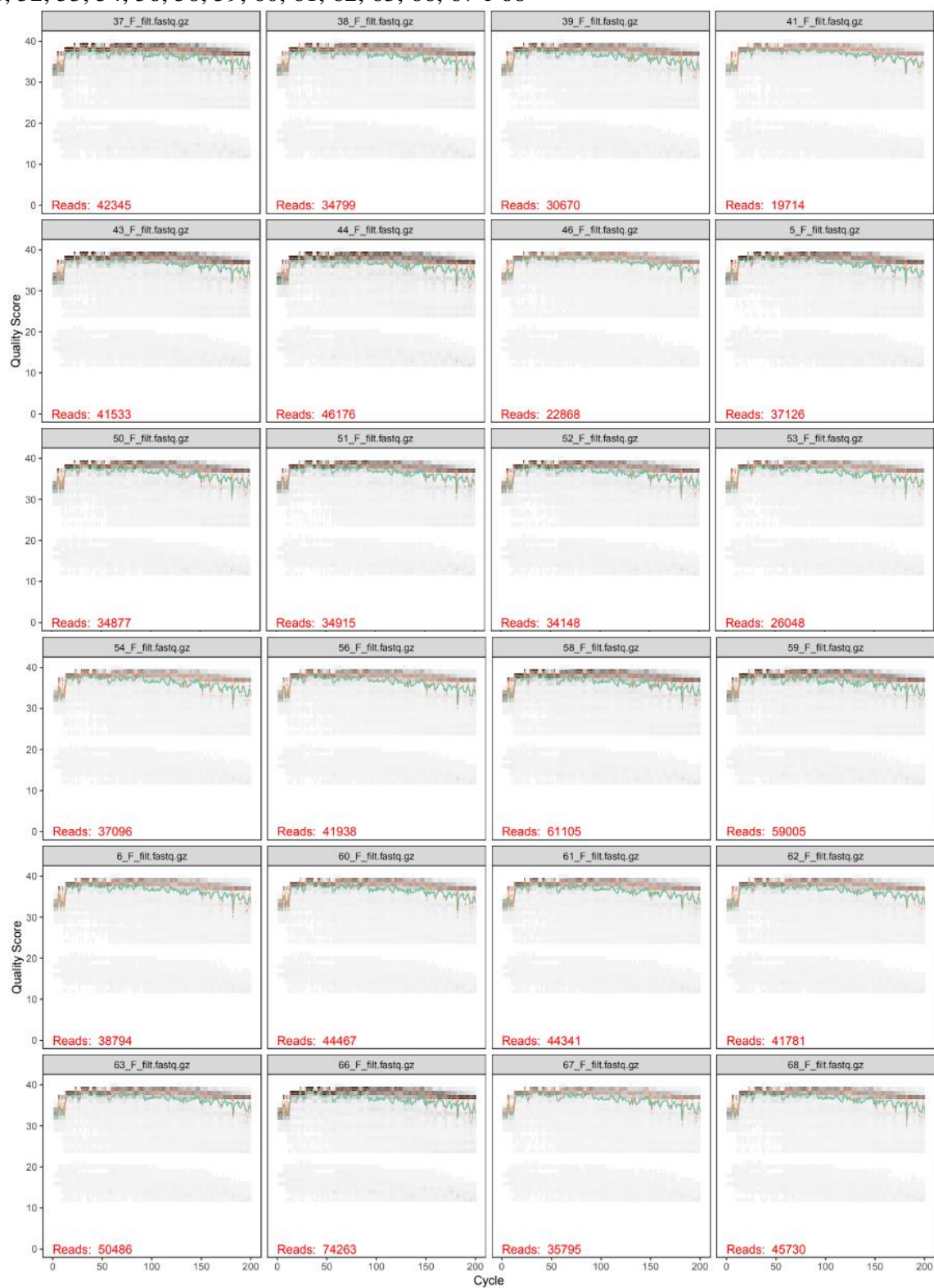
FILTRAGEM DAS AMOSTRAS DE SEQUENCIAMENTO DAS LEITURAS *FORWARD* E *REVERSE* MANTENDO O ESCORE DE QUALIDADE ACIMA DE 30

Figura B1 – Análise da qualidade após filtragem (forward) das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 1, 2, 3, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29, 30, 31, 33, 34 e 35



Fonte: Autor.

Figura B2 – Análise da qualidade após filtragem (forward) das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 5, 6, 37, 38, 39, 41, 43, 44, 46, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 66, 67 e 68



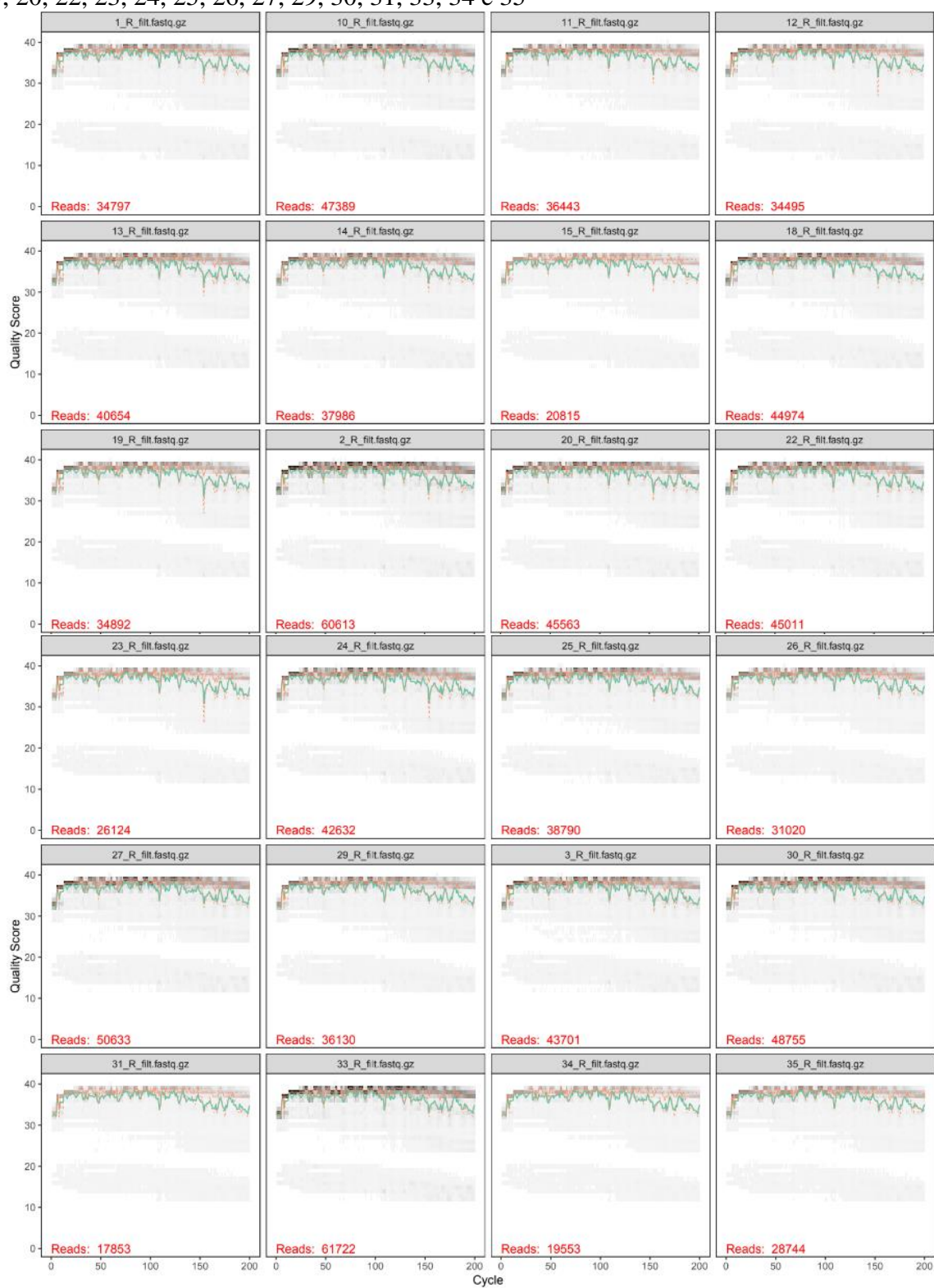
Fonte: Autor.

Figura B3 – Análise da qualidade após filtragem (forward) das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 7, 69, 70, 71, 74, 75, 76, 81, 82, 83, 85, 86, 87, 89, 90, 91, 93, 94 e 96



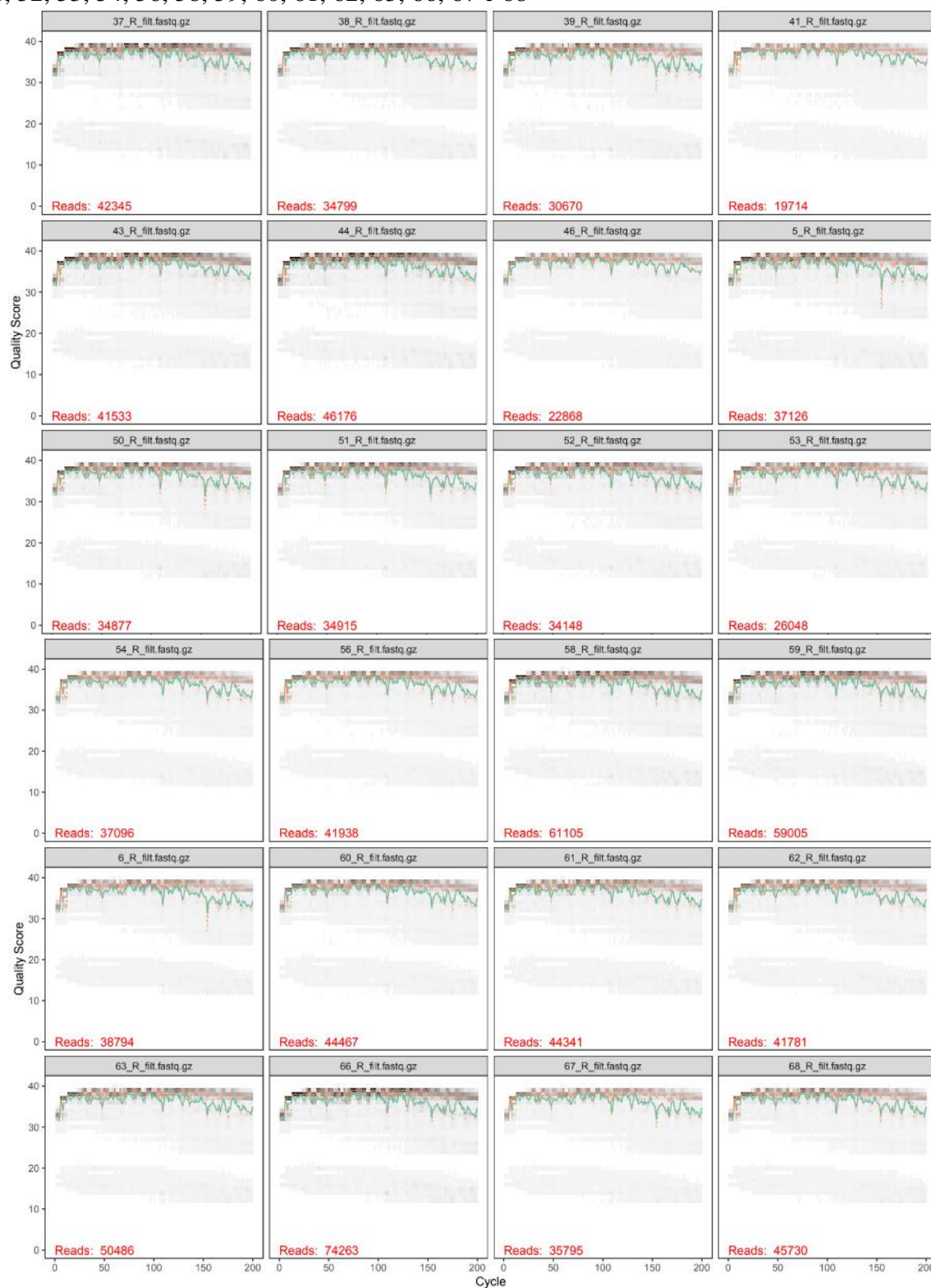
Fonte: Autor.

Figura B4 – Análise da qualidade após filtragem (reverse) das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 1, 2, 3, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29, 30, 31, 33, 34 e 35



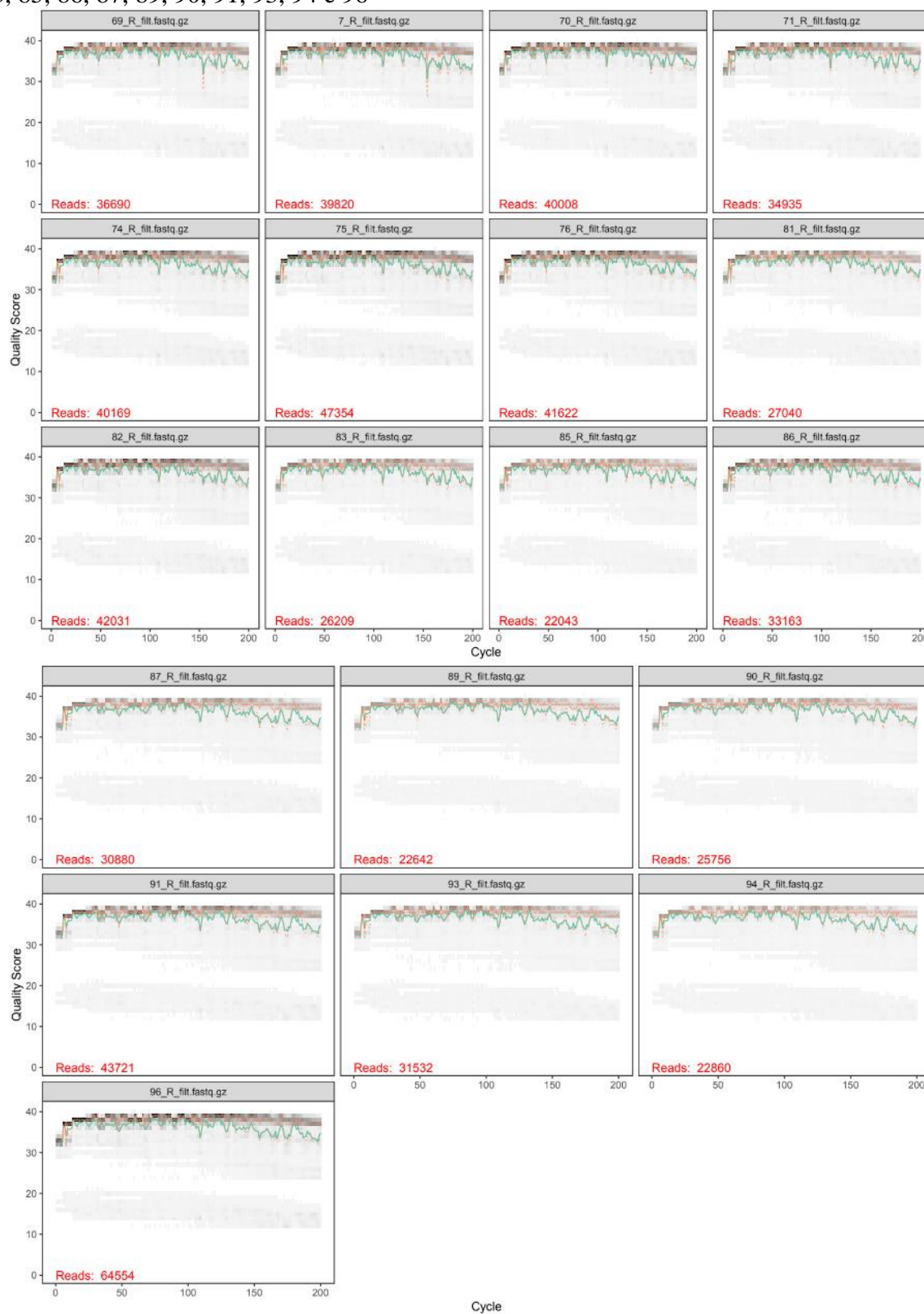
Fonte: Autor.

Figura B5 – Análise da qualidade após filtragem (reverse) das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 5, 6, 37, 38, 39, 41, 43, 44, 46, 50, 51, 52, 53, 54, 56, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 66, 67 e 68



Fonte: Autor.

Figura B6 – Análise da qualidade após filtragem (reverse) das amostras de solo adjacente à rizosfera de cajueiro sequenciadas equivalentes aos códigos 7, 69, 70, 71, 74, 75, 76, 81, 82, 83, 85, 86, 87, 89, 90, 91, 93, 94 e 96

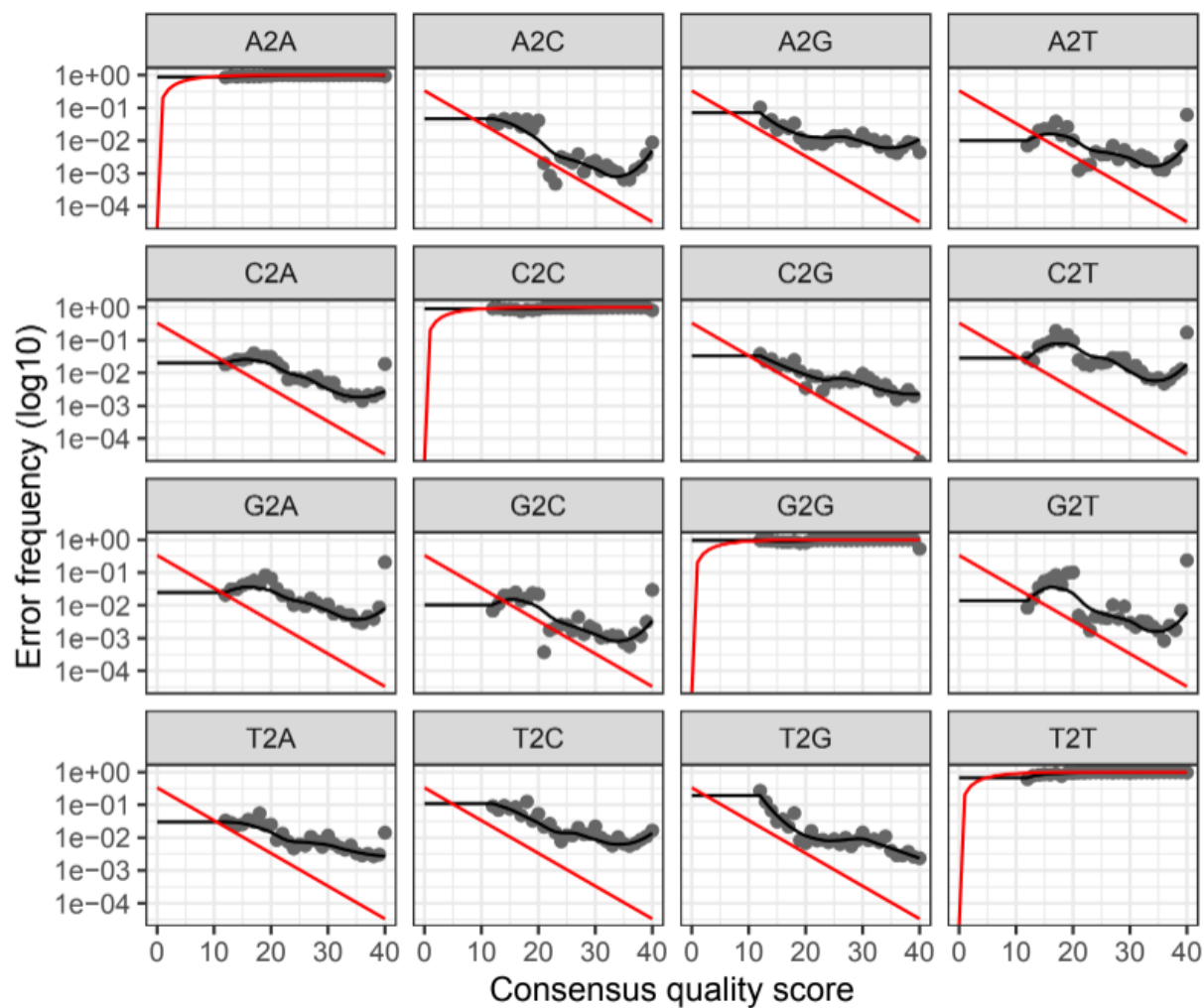


Fonte: Autor.

APÊNDICE C – ERROS DE ALINHAMENTO DOS PARES DE BASE

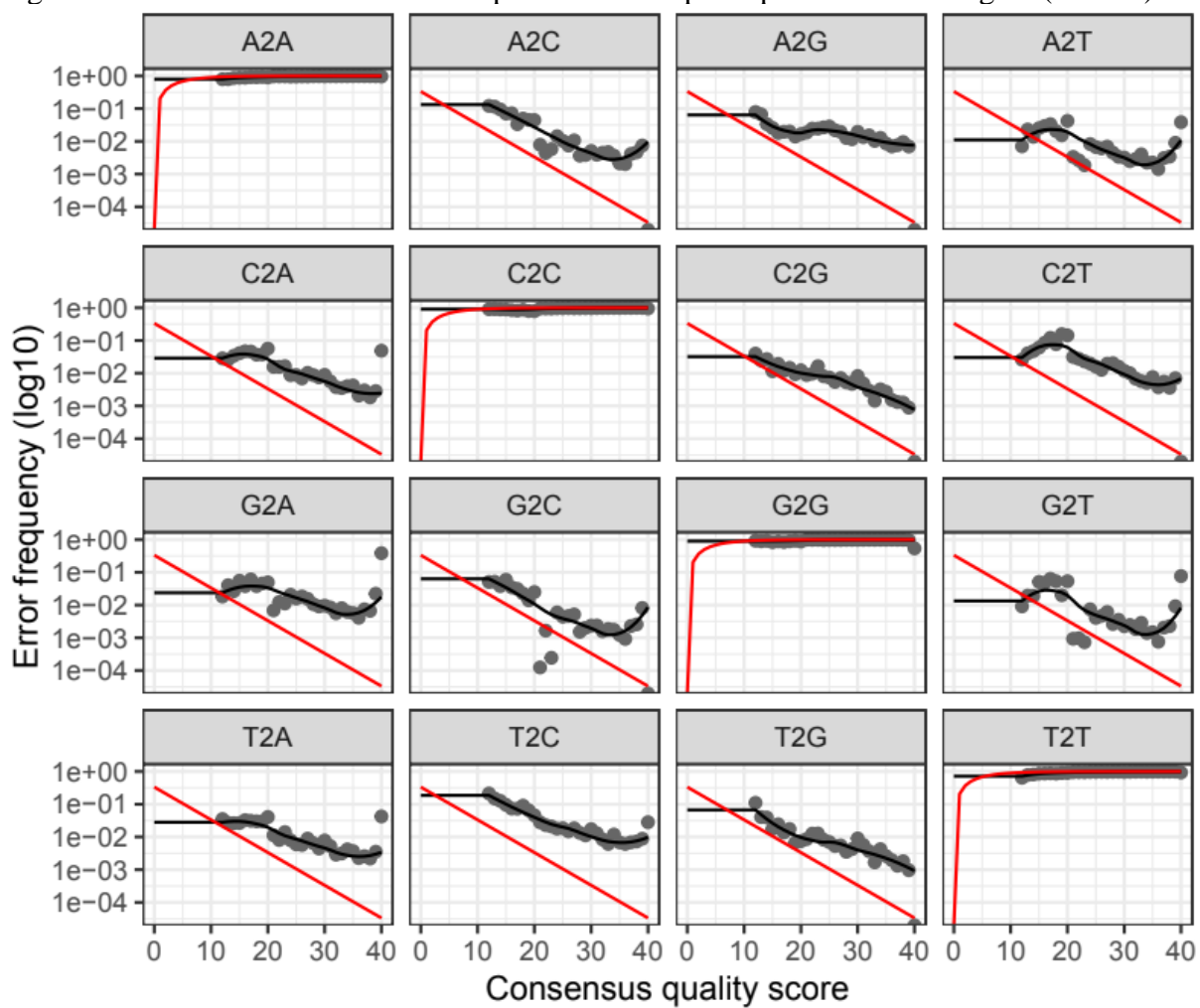
PLOT DOS ERROS DE ALINHAMENTO DOS PARES DE BASE APÓS O PROCESSO DE FILTRAGEM

Figura C1 – Erros de alinhamento dos pares de base após o processo de filtragem (forward)



Fonte: Autor.

Figura C2 – Erros de alinhamento dos pares de base após o processo de filtragem (reverse)



Fonte: Autor.

APÊNDICE D – MATRIZ ASV (TABELA DE BIOMA)

MATRIZ ASV (TABELA DE BIOMA)

Figura D1 – Matriz ASV (tabela de bioma)

Nº sequência	200	201	202	203	204	205	207	208	209	210	211	212	213
Abundância	4	2	5	6	5	5	2	2	2	10	2	3	4
Nº sequência	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226
Abundância	2	1	3	5	5	6	51	137	51	34	27	14	19
Nº sequência	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239
Abundância	35	10	7	8	19	6	5	5	7	7	9	22	11
Nº sequência	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252
Abundância	11	10	1	6	3	6	9	10	28	16	52	71	593
Nº sequência	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265
Abundância	13409	1326	229	135	76	35	30	13	18	15	8	6	3
Nº sequência	266	267	268	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279
Abundância	4	11	5	5	6	4	9	6	4	1	1	2	3
Nº sequência	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	293	295	296
Abundância	5	1	3	1	1	1	2	11	5	1	1	1	8
Nº sequência	297	298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308	309
Abundância	6	2	1	2	5	1	2	3	1	7	1	4	1
Nº sequência	313	314	315	317	319	320	321	323	325	326	327	329	339
Abundância	1	4	1	5	2	1	2	1	1	1	1	1	3
Nº sequência	243	344	346	347	348	349	352	355	356	357	362	363	366
Abundância	1	2	7	1	1	1	3	1	2	4	1	1	5
Nº sequência	368	372	381	382	386	387	388						
Abundância	1	1	1	3	1	2	1						

Fonte: Autor

**APÊNDICE E – RELATÓRIO DO TOTAL DE SEQUÊNCIAS DO GENE 16S RRNA
EM CADA ETAPA DO PROCESSO DE TRATAMENTO DOS DADOS
SEQUENCIADOS**

**RELATÓRIO DO TOTAL DE SEQUÊNCIAS DO GENE 16S rRNA EM CADA UMA DAS
ETAPAS, INICIAL, APÓS FILTRAGEM, APÓS CORREÇÃO DO ERRO E APÓS
RETIRADA DAS QUIMERAS**

Tabela E1 – Relatório do total de sequências do gene 16S rRNA em cada uma das etapas inicial, após filtragem, após correção do erro e após retirada das quimeras relativa aos dados do Estudo 1. Os códigos das amostras são os mesmos relacionados na Tabela A1.

Sample	Input	Filtered	Denoised F	Denoised R	Merged	Non-Chimeric
1	51619	34797	33079	32875	28189	26089
2	88821	60613	58392	58266	52064	48682
3	65315	43701	42094	41949	36957	35210
5	54198	37126	35761	35496	31095	29856
6	58267	38794	37223	37150	32932	30706
7	58948	39820	38397	38397	34136	32748
13	61765	40654	38715	38751	33296	31061
14	56920	37986	36129	35891	30925	28981
15	30867	20815	19435	19344	16241	15022
18	67001	44974	43035	42854	37973	34526
19	51409	34892	33428	33187	29412	27730
20	67550	45563	43628	43376	38289	34682
25	58790	38790	35819	35532	27609	27153
26	45491	31020	28818	28807	22820	22280
27	75846	50633	47035	46769	37501	36660
29	53916	36130	33281	33146	25769	24834
30	72172	48755	45470	45221	36307	34943
31	26216	17853	16014	15910	11858	11187
37	63233	42345	39062	38912	30609	30222
38	51994	34799	31378	31360	23714	23487
39	46414	30670	28867	28744	23679	23065
41	28042	19714	17645	17412	13679	13467
43	60873	41533	38236	38123	30806	30327
44	69638	46176	43063	42662	34997	34429
50	52397	34877	33435	33398	28893	28058
51	51730	34915	33492	33385	29158	28400
52	51499	34148	32608	32503	27583	26235
53	39267	26048	24874	24901	20772	19887
54	55737	37096	35386	35204	29624	28338
56	62060	41938	40076	39955	33535	31819
61	65586	44341	40998	40625	32672	32281
62	61852	41781	38304	38059	29628	29200

Continua.

Tabela E1 – Continuação.

Sample	Input	Filtered	Denosed F	Denosed R	Merged	Non-Chimeric
63	73987	50486	46531	46319	36646	36007
66	112620	74263	71531	71106	61776	59557
67	54835	35795	34071	33804	28904	27442
68	67639	67639	43732	43695	37592	35063
74	59800	59800	36694	36545	29248	28582
75	70761	70761	44218	43968	35734	35002
76	61274	61274	38777	38468	31815	31215
85	32702	32702	20430	20402	15908	15435
86	49146	49146	30386	30297	23878	23439
87	46848	46848	28100	28043	21510	20934
89	33242	33242	20170	20152	14899	14505
90	38234	38234	23535	23362	18039	17580
91	65769	65769	40537	40364	32237	31549

Fonte: Autor.

**APÊNDICE F – AJUSTE DOS DADOS DAS VÁRIÁVEIS FÍSICAS, QUÍMICAS,
BIOLÓGICAS E BIOQUÍMICAS À ORDENAÇÃO POR MEIO DA ANÁLISE DE
COORDENADAS PRINCIPAIS**

RELAÇÃO DOS VALORES DE R^2 E DO *P-VALUE* DO AJUSTE DOS DADOS DAS
VÁRIÁVEIS FÍSICAS, QUÍMICAS, BIOLÓGICAS E BIOQUÍMICAS À ORDENAÇÃO
POR MEIO DA ANÁLISE DE COORDENADAS PRINCIPAIS

Tabela F1 – Variáveis explicativas do PCoA das regiões no Estudo 1.

Variável	Pacajus/CE		Beberibe/CE		Pio IX/PI		Serra do Mel/RN	
	R^2	p	R^2	p	R^2	p	R^2	P
C-BMS	0,1128	0,635	0,3618	0,262	0,3507	0,148	0,3710	0,146
COT	0,7368	0,014*	0,7538	0,013*	0,2302	0,305	0,0277	0,896
pH	0,0163	0,890	0,1466	0,614	0,8170	0,002*	0,5380	0,035*
Al	0,0234	0,920	0,3096	0,323	0,7906	0,003*	0,7978	0,006*
P	0,6282	0,033*	0,0959	0,790	0,9397	0,001*	0,2344	0,343
K	0,4369	0,151	0,8649	0,004*	0,2687	0,238	0,4458	0,078
Ca	0,3417	0,263	0,0823	0,780	0,4986	0,052	0,9258	0,001*
Mg	0,1765	0,498	0,9277	0,002*	0,1998	0,366	0,7237	0,002*
Na	0,7605	0,005*	0,0902	0,750	0,1443	0,503	0,5347	0,039*
Fe	0,8839	0,004*	0,2706	0,387	0,5534	0,024*	0,7295	0,006*
Zn	0,4238	0,134	0,8309	0,009*	0,0150	0,940	0,5303	0,037*
Cu	0,7048	0,003*	0,4333	0,194	0,1316	0,542	0,7252	0,003*
Mn	0,4592	0,132	0,5004	0,116	0,7879	0,001*	0,0178	0,924
s	0,3217	0,287	0,7108	0,076	0,3459	0,146	0,9244	0,001*
CTC _{efetiva}	0,3645	0,221	0,5551	0,100	0,2145	0,335	0,9219	0,001*
m	0,1417	0,646	0,4427	0,175	0,6737	0,005*	0,9079	0,003*
RBS	0,4943	0,107	0,2053	0,520	0,4206	0,081	0,3104	0,176
qMic	0,4542	0,030*	0,6290	0,049*	0,0983	0,620	0,0127	0,940
qCO ₂	0,3590	0,208	0,2768	0,344	0,1839	0,388	0,5237	0,030*
Ds	0,6874	0,027*	0,5324	0,097	0,4530	0,059	0,0639	0,723
u	0,0446	0,800	0,6666	0,036*	0,8839	0,001*	0,7990	0,001*
θ	0,0397	0,821	0,6295	0,056	0,8802	0,001*	0,8014	0,001*
θ _{cc}	0,0222	0,909	0,3355	0,287	0,6752	0,008*	0,1320	0,556
BGL	0,3039	0,312	0,5007	0,144	0,0487	0,801	0,0458	0,787
ARS	0,6070	0,044*	0,3081	0,334	0,3814	0,102	0,5489	0,021*
FAC	0,3158	0,262	0,5105	0,132	0,4696	0,064	0,0774	0,705
FAL	0,3615	0,180	0,5074	0,125	0,2517	0,270	0,4978	0,040*

Fonte: Autor.

Tabela F2 – Variáveis explicativas do PCoA das regiões no Estudo 2.

Variável	Pacajus/CE		Beberibe/CE		Pio IX/PI		Serra do Mel/RN	
	R ²	p	R ²	p	R ²	p	R ²	p
C-BMS	0,2375	0,319	0,5823	0,081	0,1072	0,597	0,3346	0,164
COT	0,2427	0,264	0,7414	0,013	0,0412	0,835	0,8032	0,001
pH	0,0934	0,687	0,1706	0,573	0,3836	0,109	0,0823	0,636
Al	0,0725	0,708	0,5774	0,076	0,1364	0,464	0,3122	0,193
P	0,7857	0,001	0,0672	0,862	0,2715	0,224	0,0316	0,949
K	0,2481	0,315	0,2876	0,344	0,5946	0,019*	0,4644	0,048
Ca	0,6794	0,010	0,7011	0,020	0,0553	0,758	0,3150	0,209
Mg	0,1299	0,522	0,9172	0,004	0,3089	0,180	0,1377	0,512
Na	0,5580	0,037	0,6699	0,048	0,2155	0,330	0,5740	0,025
Fe	0,2621	0,249	0,4126	0,194	0,3475	0,167	0,3620	0,148
Zn	0,8207	0,001	0,3606	0,235	0,1021	0,647	0,3977	0,076
Cu	0,7593	0,003	0,1725	0,580	0,418	0,082	0,4220	0,089
Mn	0,5485	0,020	0,2654	0,410	0,0379	0,851	0,3926	0,099
s	0,6209	0,017	0,7642	0,015	0,0329	0,871	0,1205	0,556
CTC _{efetiva}	0,5870	0,021	0,7355	0,018	0,0721	0,684	0,0961	0,651
m	0,0154	0,968	0,7793	0,014	0,1756	0,385	0,3622	0,127
RBS	0,4655	0,076	0,2684	0,372	0,2534	0,259	0,0926	0,639
qMic	0,1376	0,487	0,8163	0,019	0,1278	0,568	0,5208	0,031
qCO ₂	0,3705	0,121	0,54"4	0,077	0,059	0,755	0,3103	0,184
Ds	0,1420	0,531	0,3515	0,287	0,2195	0,342	0,2807	0,233
u	0,0634	0,871	0,7212	0,026	0,4544	0,062	0,0915	0,647
θ	0,0675	0,852	0,7201	0,026	0,4634	0,056	0,1121	0,584
θ _{cc}	0,0484	0,805	0,5078	0,123	0,2553	0,256	0,1066	0,580
BGL	0,1112	0,558	0,3876	0,228	0,1819	0,399	0,6949	0,009
ARS	0,6205	0,010	0,0307	0,914	0,3765	0,099	0,1383	0,518
FAC	0,1567	0,446	0,6611	0,030	0,1837	0,420	0,2972	0,223
FAL	0,1788	0,382	0,4591	0,167	0,3898	0,118	0,3785	0,114

Fonte: Autor.

APÊNDICE G – ESPÉCIES INDICADORAS

RELAÇÃO COMPLETA DAS ESPÉCIES INDICADORAS COM SIGNIFICÂNCIA MAIOR QUE 5% INDEPENDENTE DA ABUNDÂNCIA

Tabela G1 – Relação dos gêneros classificados como indicadores no Estudo 1 e seus respectivos grupos, valores de IndVal e p-value.

Grupo	Gênero	IndVal	p value
Beberibe	<i>Methylovirgula</i>	0.877	0.001
Beberibe	<i>Candidatus Xiphinematobacter</i>	0.738	0.001
Beberibe	<i>Stenotrophobacter</i>	0.659	0.001
Beberibe	<i>P3OB-42</i>	0.651	0.001
Beberibe	<i>Cytophaga</i>	0.612	0.001
Beberibe	<i>Lysinibacillus</i>	0.611	0.001
Beberibe	<i>Intestinimonas</i>	0.567	0.003
Beberibe	<i>Thermincola</i>	0.509	0.007
Beberibe	<i>Actinophytocola</i>	0.509	0.004
Beberibe	<i>Methanobacterium</i>	0.502	0.007
Beberibe	<i>Ga0074140</i>	0.499	0.004
Beberibe	<i>Risunbinella</i>	0.471	0.016
Beberibe	<i>Fonticella</i>	0.469	0.004
Beberibe	<i>BacC-u-018</i>	0.443	0.028
Beberibe	<i>Pedosphaera</i>	0.439	0.028
Beberibe	<i>Ralstonia</i>	0.426	0.002
Beberibe	<i>Phenylobacterium</i>	0.422	0.041
Beberibe	<i>Edaphobacter</i>	0.420	0.026
Beberibe	<i>H1</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Hungateiclostridium</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Endomicrobium</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Pseudoxanthomonas</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Cerasicoccus</i>	0.420	0.050
Beberibe	<i>Diplorickettsia</i>	0.420	0.050
Beberibe	<i>Enterococcus</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Falsibacillus</i>	0.420	0.050
Beberibe	<i>Oxobacter</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Candidatus Symbiothrix</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Ereboglobus</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Kibdelosporangium</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Pseudocitrobacter</i>	0.420	0.036
Beberibe	<i>Treponema</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Ureibacillus</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Verrucomicrobium</i>	0.420	0.036
Beberibe	<i>Candidatus Metachlamydia</i>	0.420	0.035

Continua.

Tabela G1 – Continuação.

Grupo	Gênero	IndVal	p value
Beberibe	<i>Elusimicrobium</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Methanosarcina</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Parachlamydia</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>possible genus 02</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Clostridium sensu stricto 12</i>	0.420	0.035
Beberibe	<i>Flavobacterium</i>	0.418	0.037
Beberibe	<i>Rickettsiella</i>	0.407	0.046
Beberibe	<i>Termite Treponema cluster</i>	0.406	0.045
Beberibe	<i>Crenobacter</i>	0.378	0.007
Pacajus	<i>Paenibacillus</i>	0.755	0.001
Pacajus	<i>Actinoallomurus</i>	0.740	0.001
Pacajus	<i>Gemmata</i>	0.722	0.001
Pacajus	<i>Iamia</i>	0.688	0.001
Pacajus	<i>Solirubrobacter</i>	0.680	0.001
Pacajus	<i>Gemmatimonas</i>	0.665	0.001
Pacajus	<i>Actinoalloteichus</i>	0.663	0.001
Pacajus	<i>ADurb.Bin063-1</i>	0.653	0.001
Pacajus	<i>Hirschia</i>	0.599	0.001
Pacajus	<i>Actinopolymorpha</i>	0.597	0.002
Pacajus	<i>Candidatus Solibacter</i>	0.580	0.001
Pacajus	<i>Nonomuraea</i>	0.579	0.003
Pacajus	<i>Nitrospira</i>	0.575	0.003
Pacajus	<i>Duganella</i>	0.532	0.003
Pacajus	<i>AKYG587</i>	0.528	0.004
Pacajus	<i>Pasteuria</i>	0.522	0.003
Pacajus	<i>Rudaea</i>	0.518	0.002
Pacajus	<i>Ktedonobacter</i>	0.493	0.011
Pacajus	<i>Pelosinus</i>	0.461	0.016
Pacajus	<i>Nocardioides</i>	0.460	0.016
Pacajus	<i>Sporomusa</i>	0.420	0.022
Pacajus	<i>Pseudoflavitalea</i>	0.388	0.043
Pio IX	<i>Aciditerrimonas</i>	0.915	0.001
Pio IX	<i>Modestobacter</i>	0.854	0.001
Pio IX	<i>Actinomycetospora</i>	0.839	0.001
Pio IX	<i>Paraclostridium</i>	0.816	0.001
Pio IX	<i>Psychroglaciecola</i>	0.776	0.001
Pio IX	<i>Acidothermus</i>	0.757	0.001
Pio IX	<i>Bryocella</i>	0.743	0.001
Pio IX	<i>Xylanimonas</i>	0.722	0.001
Pio IX	<i>Acidipila-Silvibacterium</i>	0.720	0.001
Pio IX	<i>Granulicella</i>	0.720	0.001
Pio IX	<i>Nitrolancea</i>	0.667	0.001
Pio IX	<i>Bryobacter</i>	0.661	0.001
Pio IX	<i>Segetibacter</i>	0.650	0.001
Pio IX	<i>Endobacter</i>	0.611	0.001

Continua.

Tabela G1 – Continuação.

Grupo	Gênero	IndVal	<i>p</i> value
Pio IX	<i>Motilibacter</i>	0.603	0.001
Pio IX	<i>Acidiphilium</i>	0.598	0.004
Pio IX	<i>Candidatus Nitrocosmicus</i>	0.584	0.001
Pio IX	<i>Nitrospira</i>	0.577	0.001
Pio IX	<i>Sediminibacterium</i>	0.574	0.003
Pio IX	<i>Roseisolibacter</i>	0.534	0.004
Pio IX	<i>Oceanobacillus</i>	0.534	0.004
Pio IX	<i>Porphyrobacter</i>	0.526	0.003
Pio IX	<i>[Polyangium] brachysporum group</i>	0.521	0.008
Pio IX	<i>Rummeliibacillus</i>	0.515	0.002
Pio IX	<i>Spirosoma</i>	0.507	0.009
Pio IX	<i>Mucilaginibacter</i>	0.505	0.008
Pio IX	<i>Piscinibacter</i>	0.502	0.013
Pio IX	<i>Jatrophihabitans</i>	0.483	0.007
Pio IX	<i>Lacunisphaera</i>	0.441	0.019
Pio IX	<i>Altererythrobacter</i>	0.437	0.016
Pio IX	<i>Abditibacterium</i>	0.434	0.019
Pio IX	<i>1174-901-12</i>	0.416	0.047
Serra do Mel	<i>1921-2</i>	0.788	0.001
Serra do Mel	<i>Sphaerobacter</i>	0.767	0.001
Serra do Mel	<i>Alicyclobacillus</i>	0.710	0.001
Serra do Mel	<i>Geodermatophilus</i>	0.683	0.001
Serra do Mel	<i>FCPS473</i>	0.657	0.001
Serra do Mel	<i>Acidisphaera</i>	0.641	0.001
Serra do Mel	<i>Chthonomonas</i>	0.619	0.002
Serra do Mel	<i>Microvirga</i>	0.605	0.001
Serra do Mel	<i>Methylocella</i>	0.598	0.002
Serra do Mel	<i>Cloacibacterium</i>	0.544	0.002
Serra do Mel	<i>Catenulispora</i>	0.536	0.001
Serra do Mel	<i>Streptacidiphilus</i>	0.529	0.005
Serra do Mel	<i>Pullulanibacillus</i>	0.523	0.001
Serra do Mel	<i>Myxococcus</i>	0.522	0.012
Serra do Mel	<i>Leifsonia</i>	0.514	0.006
Serra do Mel	<i>Sinomonas</i>	0.510	0.005
Serra do Mel	<i>Actinoplanes</i>	0.503	0.001
Serra do Mel	<i>Kitasatospora</i>	0.492	0.007
Serra do Mel	<i>Niveibacterium</i>	0.488	0.005
Serra do Mel	<i>Effusibacillus</i>	0.482	0.011
Serra do Mel	<i>Massilia</i>	0.462	0.011
Serra do Mel	<i>Acidibacillus</i>	0.450	0.018
Serra do Mel	<i>Pedobacter</i>	0.424	0.018
Serra do Mel	<i>Intrasporangium</i>	0.420	0.022
Serra do Mel	<i>Jahnella</i>	0.394	0.008
Serra do Mel	<i>Tellurimicrobium</i>	0.393	0.049
Serra do Mel	<i>Terrabacter</i>	0.386	0.044

Continua.

Tabela G1 – Continuação.

Grupo	Gênero	IndVal	<i>p</i> value
Serra do Mel	<i>Enhydrobacter</i>	0.321	0.028
Beberibe + Pacajus	<i>Pedomicrobiu+B130:D191m</i>	0.933	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Haliangium</i>	0.872	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Terrimonas</i>	0.809	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Pirellula</i>	0.804	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Rhodomicrobium</i>	0.792	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Coxiella</i>	0.788	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Bradyrhizobium</i>	0.784	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Gaiella</i>	0.741	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Candidatus Udaeobacter</i>	0.736	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Reyranella</i>	0.724	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Rugosimonospora</i>	0.723	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Nordella</i>	0.713	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Subgroup 10</i>	0.704	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Cohnella</i>	0.682	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Dongia</i>	0.669	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Zavarzinella</i>	0.661	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>MND1</i>	0.656	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Streptomyces</i>	0.632	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Pir4 lineage</i>	0.625	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Mesorhizobium</i>	0.601	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Phaselicystis</i>	0.583	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Luedemannella</i>	0.581	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Anaeromyxobacter</i>	0.579	0.003
Beberibe + Pacajus	<i>Candidatus Protochlamydia</i>	0.572	0.002
Beberibe + Pacajus	<i>Sporichthya</i>	0.558	0.002
Beberibe + Pacajus	<i>Aquicella</i>	0.542	0.002
Beberibe + Pacajus	<i>SWB02</i>	0.541	0.005
Beberibe + Pacajus	<i>mle1-7</i>	0.531	0.005
Beberibe + Pacajus	<i>Bacillus</i>	0.522	0.004
Beberibe + Pacajus	<i>RB41</i>	0.518	0.004
Beberibe + Pacajus	<i>UTBCD1</i>	0.507	0.007
Beberibe + Pacajus	<i>Polycyclovorans</i>	0.480	0.013
Beberibe + Pacajus	<i>Neochlamydia</i>	0.474	0.008
Beberibe + Pacajus	<i>Brevibacillus</i>	0.428	0.039
Beberibe + Pacajus	<i>Vampirovibrio</i>	0.419	0.027
Beberibe + Pacajus	<i>ZOR0006</i>	0.414	0.037
Beberibe + Pacajus	<i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i>	0.408	0.035
Beberibe + Pio IX	<i>Fimbrioglobus</i>	0.389	0.035
Beberibe + Pio IX	<i>Fictibacillus</i>	0.558	0.003
Beberibe + Pio IX	<i>Sporocytophaga</i>	0.544	0.005
Beberibe + Pio IX	<i>YC-ZSS-LKJ147</i>	0.479	0.007
Beberibe + Pio IX	<i>Shimazuella</i>	0.462	0.008
Beberibe + Serra do Mel	<i>G12-WMSP1</i>	0.636	0.001

Continua.

Tabela G1 – Continuação.

Grupo	Gênero	IndVal	p value
Beberibe + Serra do Mel	<i>Turicibacter</i>	0.532	0.005
Beberibe + Serra do Mel	<i>Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia</i>	0.502	0.003
Pacajus + Pio IX	<i>Cellulomonas</i>	0.551	0.003
Pacajus + Pio IX	<i>Clostridium sensu stricto 13</i>	0.396	0.050
Pacajus + Serra do Mel	<i>Telmatospirillum</i>	0.442	0.022
Pacajus + Serra do Mel	<i>Dactylosporangium</i>	0.427	0.027
Pacajus + Serra do Mel	<i>Marmoricola</i>	0.419	0.027
Pacajus + Serra do Mel	<i>Candidatus Nitrososphaera</i>	0.415	0.027
Pacajus + Serra do Mel	<i>Saccharopolyspora</i>	0.404	0.049
Pio IX + Carnaubaia	<i>Conexibacter</i>	0.816	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Actinospica</i>	0.799	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Occallatibacter</i>	0.799	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Acidicaldus</i>	0.792	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Mycobacterium</i>	0.735	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Methylobacterium-Methylorubrum</i>	0.660	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Craurococcus-Caldovatus</i>	0.572	0.002
Pio IX + Carnaubaia	<i>Ramlibacter</i>	0.558	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Blastococcus</i>	0.417	0.036
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Rhodoplanes</i>	0.607	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Tumebacillus</i>	0.589	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Oxalophagus</i>	0.543	0.003
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Archangium</i>	0.473	0.014
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Candidatus Koribacter</i>	0.463	0.009
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Rhodopila</i>	0.454	0.020
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Dyella</i>	0.643	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Candidatus Ovatusbacter</i>	0.436	0.025
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Flavisolibacter</i>	0.417	0.042
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Ellin516</i>	0.531	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Singulisphaera</i>	0.414	0.001

Fonte: Autor.

Tabela G2 – Relação dos gêneros classificados como indicadores no Estudo 2 e seus respectivos grupos, valores de IndVal e p-value.

Grupo	Gênero	IndVal	p value
Beberibe	<i>Candidatus Xiphinematobacter</i>	0.902	0.001
Beberibe	<i>Rubroacter</i>	0.834	0.001
Beberibe	<i>Thermoactinomyces</i>	0.816	0.001
Beberibe	<i>Planosporangium</i>	0.799	0.001
Beberibe	<i>Fictibacillus</i>	0.789	0.001
Beberibe	<i>Aneurinibacillus</i>	0.745	0.002
Beberibe	<i>Stenotrophobacter</i>	0.706	0.001
Beberibe	<i>Diplorickettsia</i>	0.667	0.002
Beberibe	<i>Actinophytocola</i>	0.616	0.014
Beberibe	<i>Pyxidicoccus</i>	0.599	0.018
Beberibe	<i>Risunghinella</i>	0.577	0.005
Beberibe	<i>Rickettsiella</i>	0.557	0.019
Beberibe	<i>Flavobacterium</i>	0.519	0.024
Beberibe	<i>Ciceribacter</i>	0.471	0.034
Beberibe	<i>Geobacillus</i>	0.471	0.037
Beberibe	<i>Hamadaea</i>	0.471	0.038
Beberibe	<i>Intestinimonas</i>	0.471	0.031
Beberibe	<i>Kibdelosporangium</i>	0.471	0.032
Beberibe	<i>Methanobacterium</i>	0.471	0.047
Beberibe	<i>Actinopolymorpha</i>	0.787	0.001
Pacajus	<i>Hirschia</i>	0.774	0.001
Pacajus	<i>Romboutsia</i>	0.745	0.001
Pacajus	<i>AKYG587</i>	0.707	0.001
Pacajus	<i>Fimbrioglobus</i>	0.613	0.011
Pacajus	<i>Terrilactibacillus</i>	0.601	0.004
Pacajus	<i>Pseudoflavitalea</i>	0.559	0.024
Pacajus	<i>Terribacillus</i>	0.549	0.008
Pacajus	<i>Pseudogracilibacillus</i>	0.500	0.049
Pio IX	<i>Xylanimonas</i>	0.957	0.001
Pio IX	<i>Aciditerrimonas</i>	0.933	0.001
Pio IX	<i>Segetibacter</i>	0.930	0.001
Pio IX	<i>Cellulomonas</i>	0.899	0.001
Pio IX	<i>Psychroglaciecola</i>	0.862	0.001
Pio IX	<i>Bryocella</i>	0.825	0.001
Pio IX	<i>Rummeliibacillus</i>	0.817	0.001
Pio IX	<i>Endobacter</i>	0.702	0.002
Pio IX	<i>Blastococcus</i>	0.678	0.003
Pio IX	<i>Fontibacillus</i>	0.664	0.002
Pio IX	<i>Craurococcus-Caldovatus</i>	0.660	0.001
Pio IX	<i>Altererythrobacter</i>	0.650	0.004
Pio IX	<i>Piscinibacter</i>	0.528	0.033

Continua.

Tabela G2 – Continuação.

Grupo	Gênero	IndVal	p value
Serra do Mel	<i>Sinomonas</i>	0.754	0.005
Serra do Mel	<i>Niveibacterium</i>	0.638	0.003
Serra do Mel	<i>Catenulispora</i>	0.612	0.013
Serra do Mel	<i>Jahnella</i>	0.500	0.043
Beberibe + Pacajus	<i>Pedomicrobium</i>	0.942	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Pirellula</i>	0.908	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Gaiella</i>	0.902	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>mle1-7</i>	0.897	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Dongia</i>	0.894	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>RB41</i>	0.885	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>MND1</i>	0.872	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Nordella</i>	0.866	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Methylovirgula</i>	0.865	0.002
Beberibe + Pacajus	<i>Pir4 lineage</i>	0.862	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Iamia</i>	0.858	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Mesorhizobium</i>	0.853	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Subgroup 10</i>	0.847	0.041
Beberibe + Pacajus	<i>Sporichthya</i>	0.841	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>SWB02</i>	0.818	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Terrimonas</i>	0.814	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>P3OB-42</i>	0.799	0.022
Beberibe + Pacajus	<i>Neochlamydia</i>	0.785	0.003
Beberibe + Pacajus	<i>UTBCD1</i>	0.771	0.002
Beberibe + Pacajus	<i>Zavarzinella</i>	0.761	0.003
Beberibe + Pacajus	<i>Nonomuraea</i>	0.756	0.001
Beberibe + Pacajus	<i>Bauldia</i>	0.718	0.006
Beberibe + Pacajus	<i>Actinoalloteichus</i>	0.705	0.002
Beberibe + Pacajus	<i>Vicinamibacter</i>	0.669	0.004
Beberibe + Pacajus	<i>Noviherbaspirillum</i>	0.662	0.006
Beberibe + Pacajus	<i>Polycyclovorans</i>	0.646	0.009
Beberibe + Pacajus	<i>Candidatus Nitrosotenuis</i>	0.617	0.008
Beberibe + Pacajus	<i>Crenobacter</i>	0.607	0.023
Beberibe + Pacajus	<i>Pseudomonas</i>	0.580	0.047
Beberibe + Pio IX	<i>Sporocytophaga</i>	0.915	0.001
Beberibe + Pio IX	<i>Shimazuella</i>	0.702	0.008
Beberibe + Pio IX	<i>Gemmatirosa</i>	0.564	0.034
Beberibe + Pio IX	<i>Labilithrix</i>	0.535	0.029
Beberibe + Serra do Mel	<i>Edaphobacter</i>	0.791	0.028
Beberibe + Serra do Mel	<i>Nevskia</i>	0.654	0.013
Pacajus + Pio IX	<i>Nitrolancea</i>	0.624	0.021
Pacajus + Serra do Mel	<i>Marmoricola</i>	0.683	0.034
Pio IX + Carnaubáia	<i>1921-2</i>	0.936	0.001
Pio IX + Carnaubáia	<i>Acidicaldus</i>	0.901	0.002
Pio IX + Carnaubáia	<i>Occallatibacter</i>	0.894	0.001

Continua.

Tabela G2 – Continuação.

Grupo	Gênero	IndVal	p value
Pio IX + Carnaubaia	<i>Actinospica</i>	0.852	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Sphaerobacter</i>	0.821	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Modestobacter</i>	0.791	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Granulicella</i>	0.746	0.001
Pio IX + Carnaubaia	<i>Motilibacter</i>	0.732	0.003
Pio IX + Carnaubaia	<i>Acidiphilium</i>	0.699	0.020
Pio IX + Carnaubaia	<i>Methylocella</i>	0.540	0.046
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Nitrospira</i>	0.983	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Candidatus Udaeobacter</i>	0.969	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Coxiella</i>	0.939	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Reyranella</i>	0.929	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Candidatus Nitrososphaera</i>	0.921	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>HSB OF53-F07</i>	0.902	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Actinoallomurus</i>	0.845	0.004
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Rhodomicrobium</i>	0.835	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Phaselicystis</i>	0.834	0.001
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Opitutus</i>	0.744	0.032
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>G12-WMSP1</i>	0.739	0.010
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Bounagaea</i>	0.737	0.012
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i>	0.718	0.008
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Saccharopolyspora</i>	0.684	0.040
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Hyphomicrobium</i>	0.669	0.018
Beberibe+Pacajus +Serra do Mel	<i>Pseudoduganella</i>	0.651	0.038
Beberibe+Pio IX + Serra do Mel	<i>Flavisolibacter</i>	0.918	0.006
Beberibe+Pio IX+Serra do Mel	<i>Methylobacterium-Methylorubrum</i>	0.913	0.001
Beberibe+Pio IX +Serra do Mel	<i>Turicibacter</i>	0.874	0.012
Beberibe+Pio IX+Serra do Mel	<i>Tyzzera</i>	0.864	0.009
Beberibe+Pio IX+Serra do Mel	<i>Dyella</i>	0.846	0.002
Beberibe+Pio IX +Serra do Mel	<i>Candidatus Ovatusbacter</i>	0.805	0.011

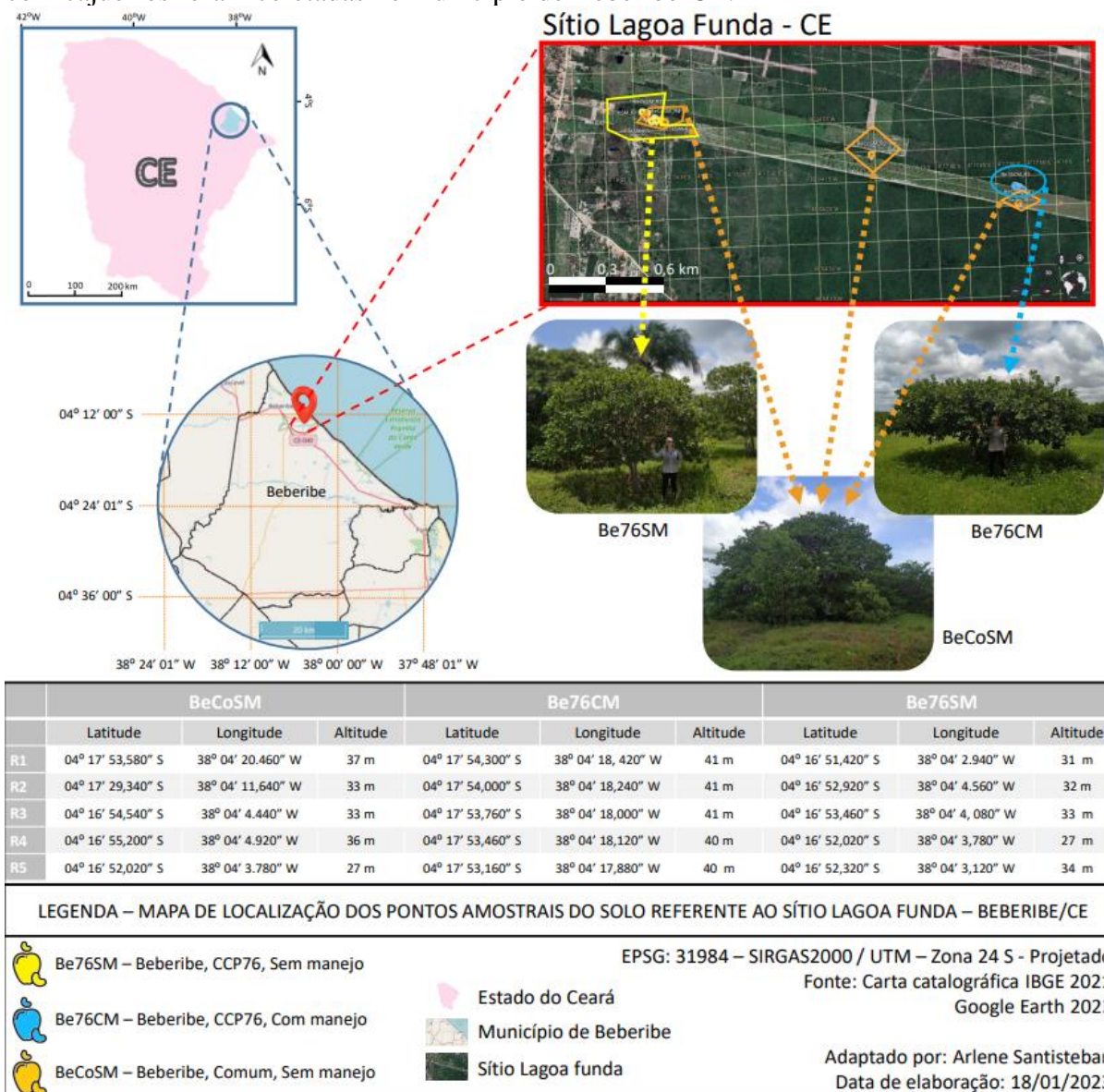
Beberibe+Pio IX+Serra do Mel	<i>Pseudarthrobacter</i>	0.715	0.036
Beberibe+Pio IX+Serra do Mel	<i>Actinoplanes</i>	0.651	0.035
Pacajus + Pio IX+Serra do Mel	<i>Alicyclobacillus</i>	0.978	0.001
Pacajus + Pio IX+Serra do Mel	<i>Actinomycetospora</i>	0.929	0.001
Pacajus + Pio IX+Serra do Mel	<i>Kitasatospora</i>	0.823	0.011
Pacajus + Pio IX+Serra do Mel	<i>Massilia</i>	0.816	0.036

Fonte: Autor.

APÊNDICE H – GEORREFERENCIAMENTO DAS AMOSTRAS DE SOLO

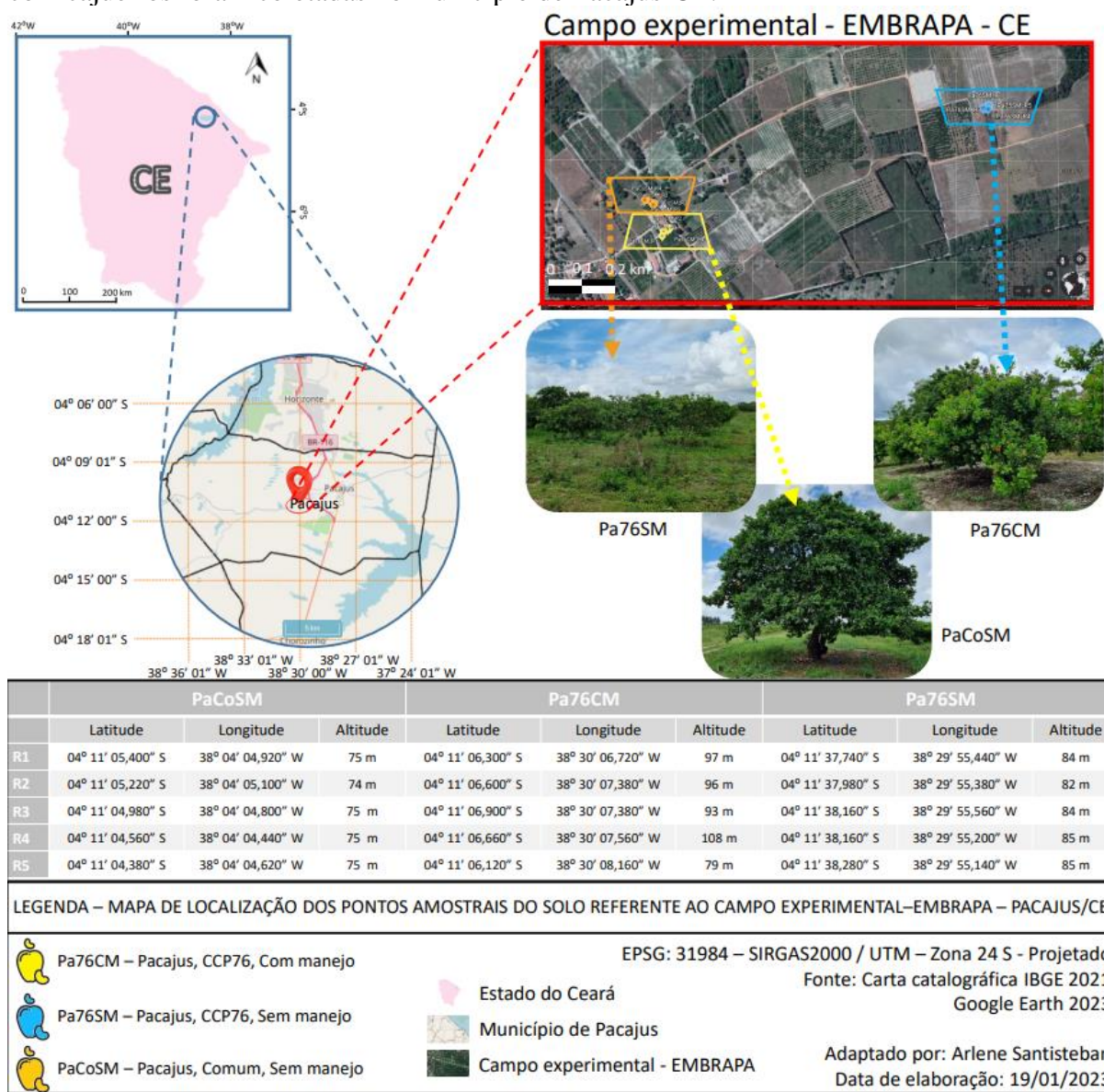
ESQUEMA DE GEORREFERENCIAMENTO DAS AMOSTRAS DE SOLO PARA CADA LOCAL DE COLETA

Figura H1 – Esquema de georreferenciamento dos locais onde as amostras do solo cultivados com cajueiros foram coletadas no município de Beberibe-CE.



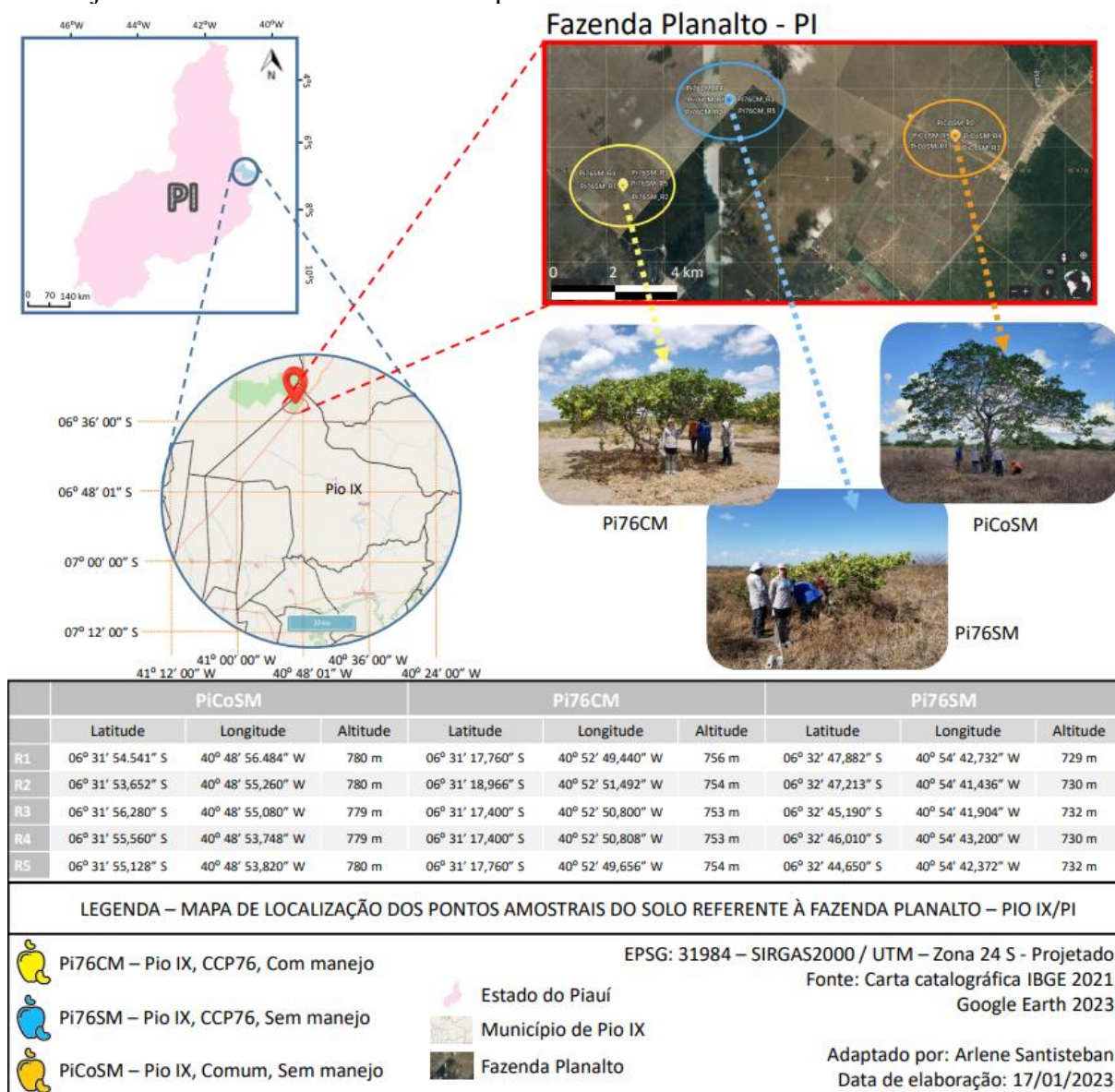
Fonte: Autor.

Figura H2 – Esquema de georreferenciamento dos locais onde as amostras do solo cultivados com cajueiros foram coletadas no município de Pacajus-CE.



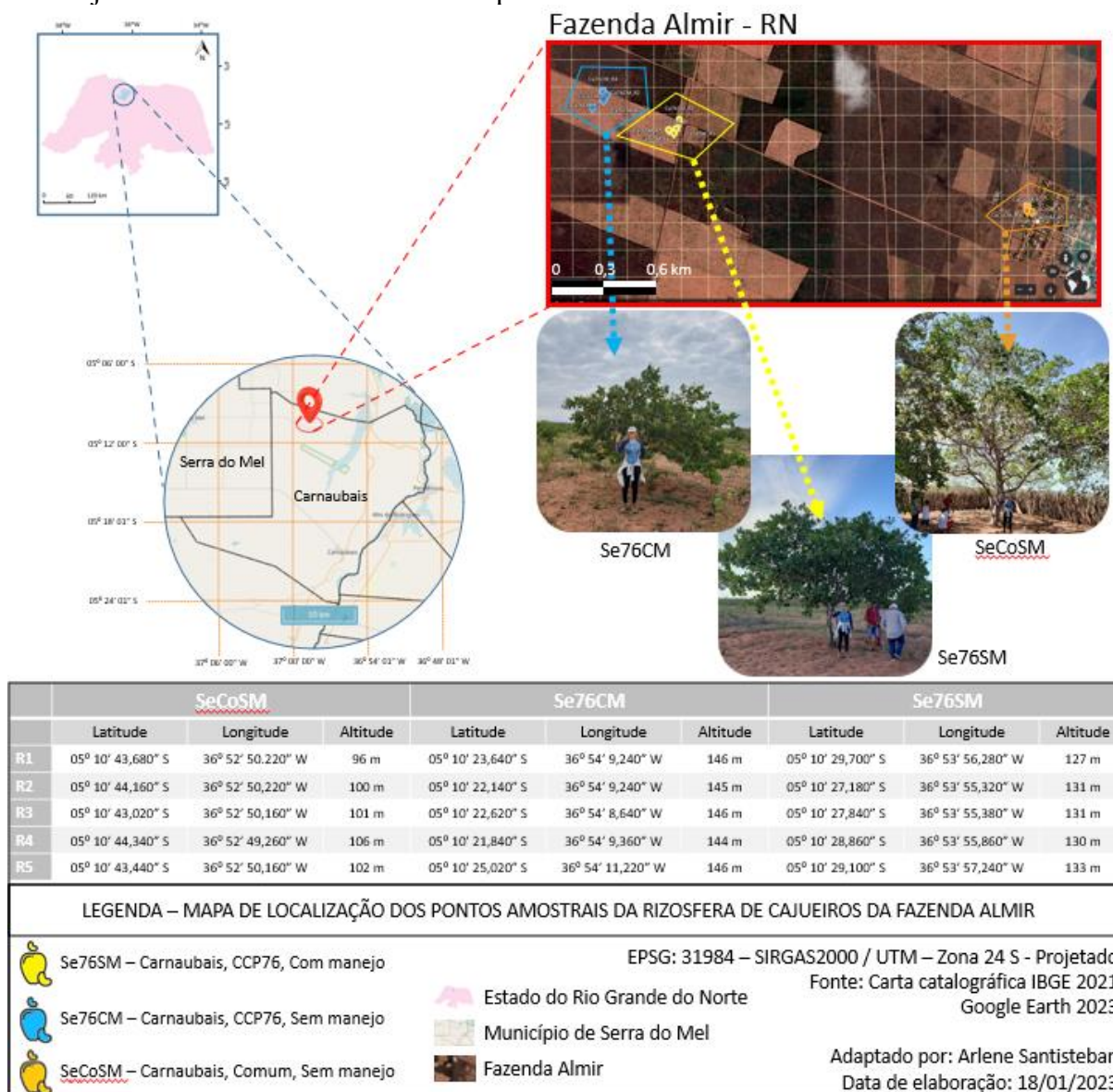
Fonte: Autor.

Figura H3– Esquema de georreferenciamento dos locais onde as amostras do solo cultivados com cajueiros foram coletadas no município de Pio IX-PI.



Fonte: Autor.

Figura H4 – Esquema de georreferenciamento dos locais onde as amostras do solo cultivados com cajueiros foram coletadas no município de Serra do Mel-RN.

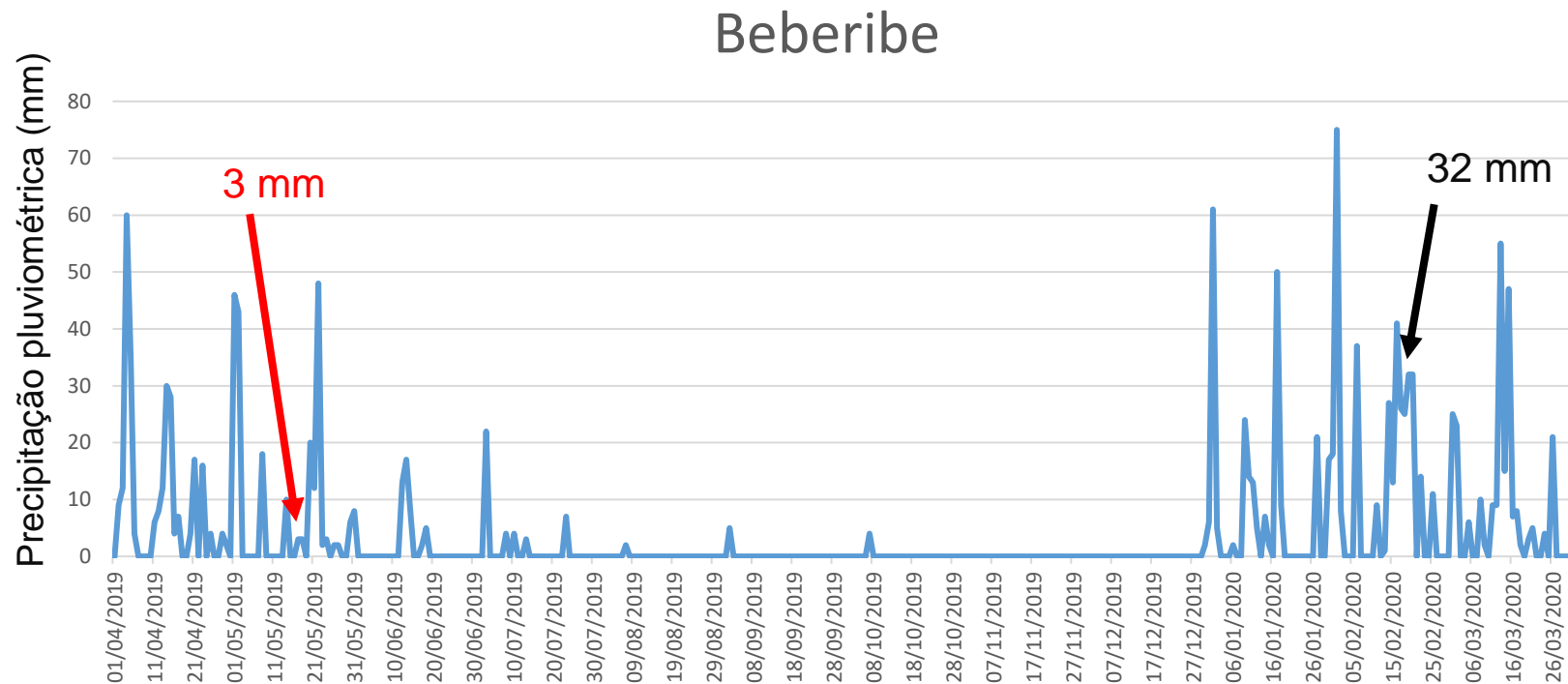


Fonte: Autor.

APÊNDICE I – PLUVIOSIDADE NOS LOCAIS DE COLETA DAS AMOSTRAS DE SOLO

GRÁFICO DE PLUVIOSIDADE DAS REGIÕES DE COLETA DAS AMOSTRAS DE SOLO

Figura I1 – Pluviosidade diária na região de Beberibe durante o período de abril de 2019 a março de 2020. Seta vermelha indica a data de coleta das amostras de solo referente a estação chuvosa e seta em cor preta indica a da estação seca.

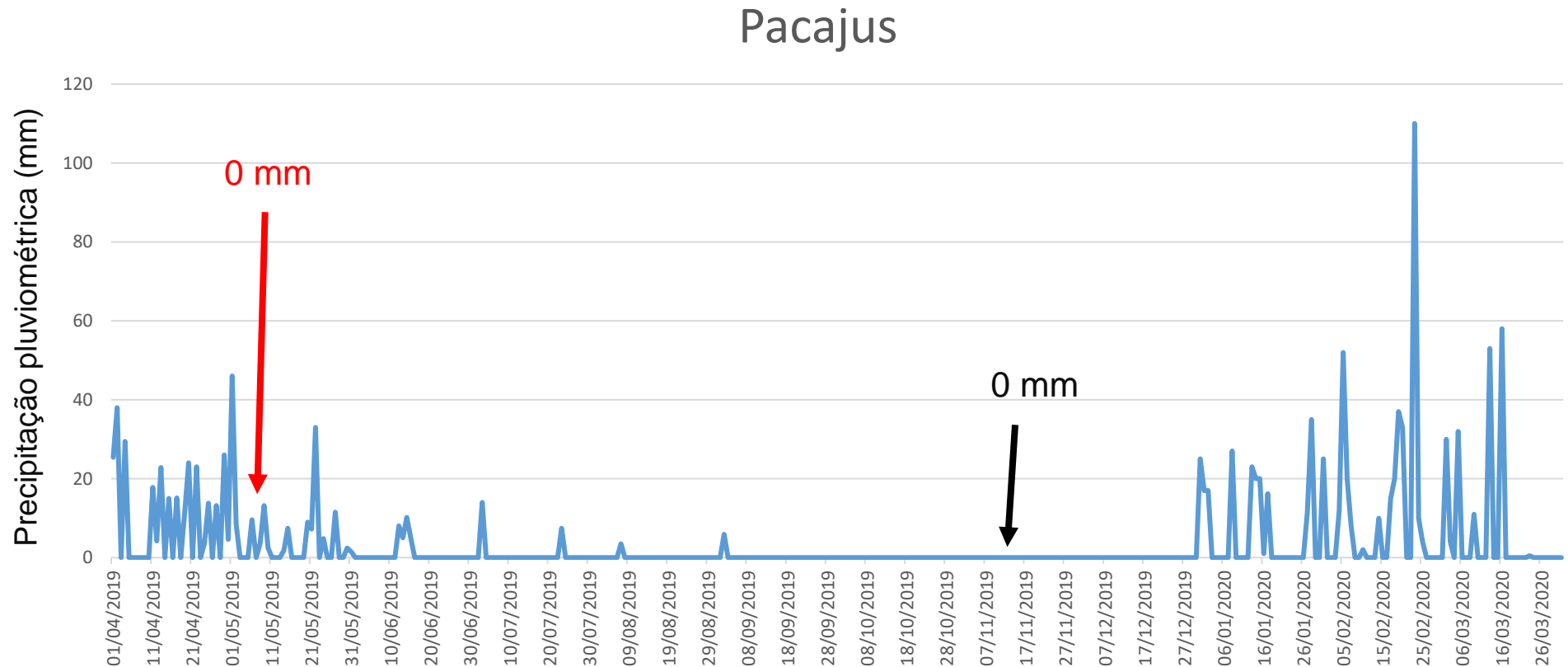


Data da coleta de solo na estação chuvosa: 17 de maio de 2019

Data da coleta de solo na estação seca: 19 de fevereiro de 2020

Fonte: Elaborado pelo autor a partir de dados da Fundação Cearense de Meteorologia (FUNCEME)

Figura I2 – Pluviosidade diária na região de Pacajus durante o período de abril de 2019 a março de 2020. Seta vermelha indica a data de coleta das amostras de solo referente a estação chuvosa e seta em cor preta indica a da estação seca.



Data da coleta de solo na estação chuvosa: 07 de maio de 2019

Data da coleta de solo na estação seca: 13 de novembro de 2019

Fonte: Elaborado pelo autor a partir de dados da Fundação Cearense de Meteorologia (FUNCEME)

Figura I3 – Pluviosidade diária na região de Serra do Mel durante o período de abril de 2019 a março de 2020. Seta vermelha indica a data de coleta das amostras de solo referente a estação chuvosa e seta em cor preta indica a da estação seca.

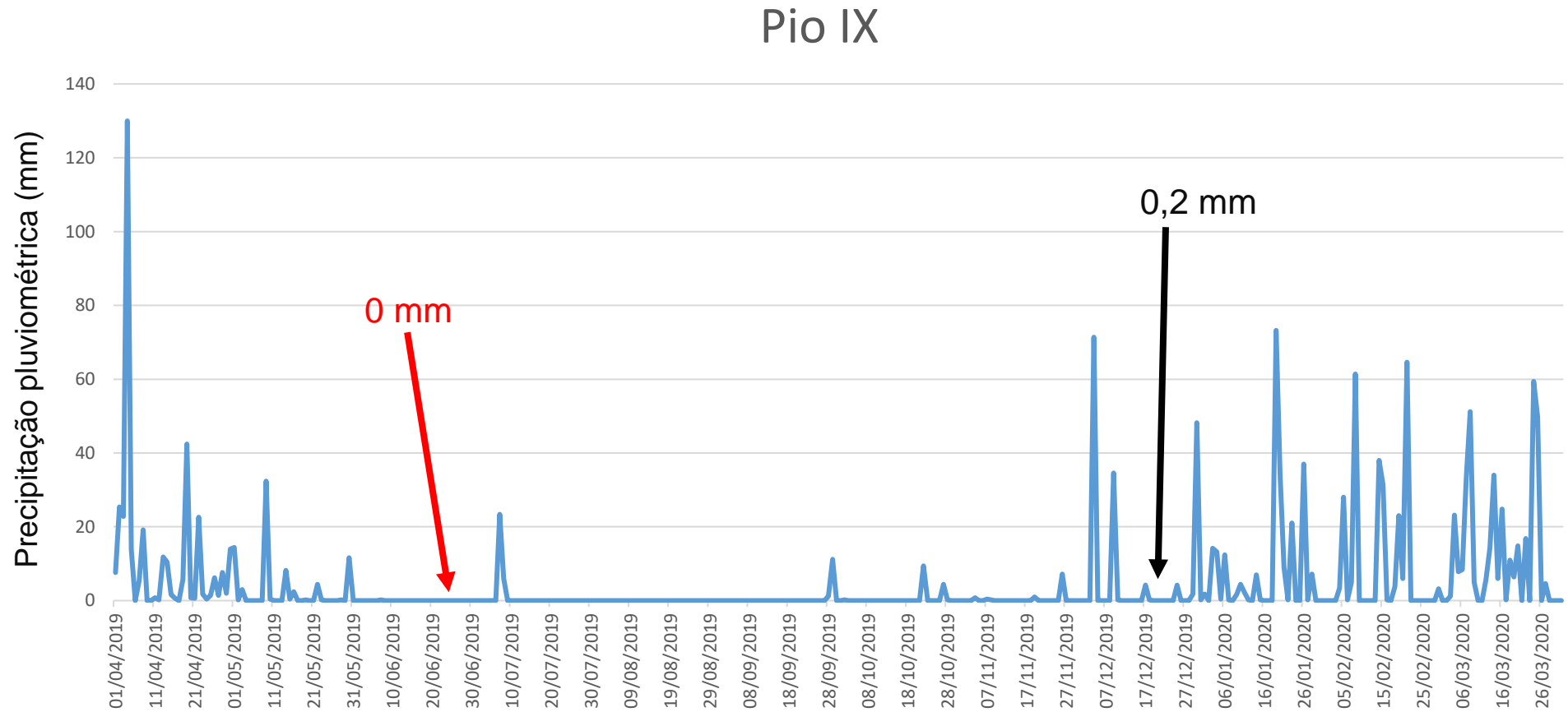


Data da coleta de solo na estação chuvosa: 10 e 11 de junho de 2019

Data da coleta de solo na estação seca: 31 de janeiro de 2020

Fonte: Elaborado pelo autor a partir de dados da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte (EMPARN)

Figura I4 – Pluviosidade diária na região de Pio IX durante o período de abril de 2019 a março de 2020. Seta vermelha indica a data de coleta das amostras de solo referente a estação chuvosa e seta em cor preta indica a da estação seca.



Data da coleta de solo na estação chuvosa: 24 e 25 de junho de 2019

Data da coleta de solo na estação seca: 18 de dezembro de 2019

Fonte: Elaborado pelo autor a partir de dados do Centro de Previsão de Tempo e Estudos Climáticos (CPTEC/INPE)