



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA  
MESTRADO EM AGRONOMIA**

**DÁVILA ESMELINDA OLIVEIRA SILVA**

**COMUNIDADE BACTERIANA DO SOLO EM UNIDADE DE RECUPERAÇÃO DE  
ÁREAS DEGRADADAS E REDUÇÃO DA VULNERABILIDADE CLIMÁTICA  
(URAD) NO SEMIÁRIDO PIAUIENSE**

**TERESINA**

**2024**

**DÁVILA ESMELINDA OLIVEIRA SILVA**

**COMUNIDADE BACTERIANA DO SOLO EM UNIDADE DE RECUPERAÇÃO DE  
ÁREAS DEGRADADAS E REDUÇÃO DA VULNERABILIDADE CLIMÁTICA  
(URAD) NO SEMIÁRIDO PIAUIENSE**

Dissertação apresentada ao programa de Pós Graduação em Agronomia - PPGA da Universidade Federal do Piauí, na área de concentração Manejo do solo e da água, como requisito para obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Orientador. Prof. Dr Ademir Sérgio Ferreira de Araújo

**TERESINA**

**2024**

FICHA CATALOGRÁFICA  
Universidade Federal do Piauí  
Biblioteca Setorial CCA  
Serviço de Representação Temática da Informação

S586c Silva, Dávila Esmelinda Oliveira.  
Comunidade bacteriana do solo em unidade de recuperação de áreas degradadas e redução da vulnerabilidade climática (URAD) no semiárido piauiense / Dávila Esmelinda Oliveira Silva. -- 2024.  
42 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 2024.  
“Orientador: Prof. Dr. “Ademir Sérgio Ferreira de Araújo.”

1. Degradação do solo. 2. Sequenciamento de amplicon. 3. Solos semiáridos. 4. Ecologia microbiana do solo. I. Araújo, Ademir Sérgio Ferreira de. II. Título.

CDD 631.4

Bibliotecário: Rafael Gomes de Sousa - CRB3/1163

**DÁVILA ESMELINDA OLIVEIRA SILVA**

**COMUNIDADE BACTERIANA DO SOLO EM UNIDADE DE RECUPERAÇÃO DE  
ÁREAS DEGRADADAS E REDUÇÃO DA VULNERABILIDADE CLIMÁTICA  
(URAD) NO SEMIÁRIDO PIAUIENSE**

Dissertação apresentada ao programa de Pós Graduação em Agronomia - PPGA da Universidade Federal do Piauí, na área de concentração Manejo do solo e da água, como requisito para obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Orientador. Prof. Dr. Ademir Sérgio Ferreira de Araújo

Comissão Julgadora:



Prof. Dr. Ademir Sérgio Ferreira de Araújo – UFPI/Presidente



Prof. Dr. Jadson Emanuel Lopes Antunes – UFPI/Membro Interno

Documento assinado digitalmente

**gov.br**

ERIKA VALENTE DE MEDEIROS

Data: 30/09/2024 14:50:33-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Érika Valente de Medeiros – UFAPE/Membro Externo – Participação remota por webconferência.

**TERESINA**

**2024**

À Deus,  
Aos meus avós maternos, familiares e  
amigos.

**Dedico**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida, por ser meu guia em todos os momentos, por todas as oportunidades a mim concedidas e por todas as graças em minha vida.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal do Piauí, composto por um corpo docente qualificado que contribuiu na realização do meu mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos, que permitiu mais essa conquista na minha carreira profissional científica.

Aos meus Ao meu orientador, Prof. Ademir Sérgio Ferreira de Araújo, pelo suporte, disponibilidade, experiências, conhecimentos, e ensinamentos científicos de extrema importância para realização deste trabalho.

À Profa. Dra. Vânia Mara Maciel Melo e ao Laboratório de Ecologia Microbiana e Biotecnologia da Universidade Federal do Ceará (UFC) pelo auxílio e sequenciamento das amostras de DNA.

Ao Prof. Dr. Arthur Prudêncio pelo auxílio no processamento dos dados e na análise estatística.

Ao Laboratório de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da UFPI (RIDESA), por todo suporte e aparato técnico, em especial a Técnica de Laboratório Leudimar Aires Pereira, pelo auxílio constante nas Análises.

Aos meus amigos do grupo de pesquisa ecologia microbiana do solo da região meio norte, Janderson Moura, Rhaiana Alviz, Mayanna Karlla, Thamara Kelly, Romário Martins, Karla Annielle, Sandra Rocha, Sabrina Hermelino e Erica Batista, agradeço imensamente por todo o carinho, companheirismo, convívio, pelos momentos de descontração, lazer, valiosas conversas e acima de tudo pela amizade, sem vocês nada disso seria possível.

Aos meus avós, Ednilde Oliveira Silva e Durval Gomes da Silva (in memoria) a minha mãe Dalma Elanne Oliveira Silva e meu padrasto Antonio medeiros Junior, por todo amor, carinho, por serem meus maiores incentivadores e por caminharem sempre comigo, sem o apoio e educação dada por vocês, eu não teria chegado até aqui.

Aos meus os meus tios e tias que torcem pela concretização deste trabalho, Dácio Elton Oliveira Silva, Dario Elson Oliveira Silva e Nayara Pires de Sousa. Preciso reafirmar meus votos de amor e carinho a minha afilhada Sofia Alves Medeiros e aos meus compadres Hilma Alves e José Monteiro que sempre me apoiaram.

A minha “mana” Daniele Reis por ter sido fundamental na escolha desta pós graduação, e por estar sempre presente na minha vida ajudando e incentivando. Aos meus amigos de Codó que sempre estiveram comigo, mesmo distante nunca deixaram de me apoiar, não poderia deixar de agradecer ao meu amigo Danilo Santos por toda ajuda e colaboração para conclusão desse trabalho.

Aos amigos que fiz em Teresina, em especial Edson Oliveira, Hellen Thanize, Jorgeana Clara, vocês são as maiores riquezas que consegui aqui e que levarei para a vida toda.

Aos professores participantes da banca examinadora, pelo tempo disponível e pelas valiosas colaborações e sugestões.

E a todos que de alguma forma contribuíram para a concretização de mais essa conquista. Meus sinceros agradecimentos.

**"No tempo certo, eu, o SENHOR, farei acontecer."**

**Isaías 60.22**

## RESUMO

A degradação do solo afeta negativamente as propriedades do solo e foi relatado que práticas de restauração a longo prazo potencialmente restauram essas propriedades, principalmente os microrganismos do solo. No entanto, pouco se sabe sobre o efeito a curto prazo da restauração na comunidade bacteriana do solo em áreas semiáridas. Este estudo avaliou a comunidade bacteriana em solos em degradação e restauração, em comparação com solos nativos do semiárido brasileiro. Assim, foram selecionadas três áreas: a) em degradação; b) em restauração de curto prazo; e c) área nativa. A comunidade bacteriana foi avaliada, por meio do sequenciamento do 16S rRNA, em amostras de solo coletadas nas estações seca e chuvosa. As estações seca e chuvosa apresentaram padrões bacterianos distintos, e os sítios nativos diferiram dos degradados e em restauração. Os filos Chloroflexi e Proteobacteria foram mais prevalentes em sítios degradados e em restauração, respectivamente, enquanto Acidobacteria dominou sítios nativos. As conexões microbianas diferiram por local e estação, com mais nós no local nativo durante a estação seca, mais bordas e conexões positivas no local de restauração e mais conexões negativas no local de degradação durante a estação chuvosa. A ocupação de nicho mostrou que a degradação favoreceu os especialistas em detrimento dos generalistas, enquanto a restauração teve mais generalistas do que os sítios nativos. Os sítios degradados tinham mais especialistas do que os sítios em restauração. Este estudo revela que a degradação do solo impacta a comunidade bacteriana do solo, causando diferenças entre sítios nativos e degradados. A restauração do solo durante um curto período não trouxe mudanças significativas na comunidade bacteriana, mas promoveu micróbios generalistas, que melhoram a estabilidade do solo.

**Palavras chave:** Degradação do solo; sequenciamento de amplicon; solos semiáridos; ecologia microbiana do solo.

## ABSTRACT

Land degradation affects negatively the soil properties and practices of restoration in long-term have been reported to potentially restore these properties, mainly the soil microorganisms. However, little is known about the short-term effect of restoration on soil bacterial community in semiarid areas. This study assessed the bacterial community in soils under degradation and restoration, as compared to a native soil in the Brazilian semiarid region. Thus, three areas were selectec: a) under degradation; b) under short-term restoration; and c) a native area. The bacterial community was assessed, by 16S rRNA sequencing, in soil samples collected in the dry and rainy seasons. The dry and rainy seasons presented distinct bacterial patterns, and native sites differed from degraded and restoration. The phyla Chloroflexi and Proteobacteria were more prevalent in degraded and restoration sites, respectively, while Acidobacteria dominated native sites. Microbial connections differed by site and season, with more nodes in the native site during the dry season, more edges and positive connections in the restoration site, and more negative connections in the degradation site during the rainy season. Niche occupancy showed degradation favored specialists over generalists, while restoration had more generalists than native sites. Degraded sites had more specialists than restoration sites. This study reveals that land degradation impacts soil bacterial community, causing differences between native and degraded sites. Restoring the soil over a short period did not bring significant changes in bacterial community, but it did promote generalist microbes, which enhance soil stability.

**Keywords:** Land degradation, amplicon sequencing; semiarid soils, soil microbial ecology

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1:</b> Grau e situação de degradação do solo em área de pastagem no ano de 2021 em diversas áreas Brasileiras.....	<b>15</b>
<b>Figura 2.</b> Cenários paisagísticos: Áreas degradadas (a e d), nativas (b e e) e em restauração (c e f) durante as estações seca e chuvosa.....	<b>23</b>
<b>Figura 3.</b> Escala multidimensional não métrica (NMDS) comparando grupos microbianos em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa. ....	<b>25</b>
<b>Figura 4.</b> Medição da diversidade alfa (isto é, índices ASVs, Chao1 e Shannon observados) em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa.....	<b>26</b>
<b>Figura 5.</b> Composição microbiana (abundância relativa) dos principais filos em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa.....	<b>27</b>
<b>Figura 6.</b> Redes microbianas (metodologia SparCC) em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa.....	<b>28</b>
<b>Figura 7.</b> Método de classificação multinomial de espécies (CLAM) para teste de ocupação de nicho baseado na comparação pareada em áreas degradadas, nativas e em restauração nos períodos seco e chuvoso. ....	<b>29</b>

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	<b>13</b>
<b>2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA</b> .....	<b>14</b>
2.1. Degradação do Nordeste .....	14
2.2. Unidade de restauração de áreas degradadas e redução da vulnerabilidade climática-URAD .....	17
2.3. Comunidade Bacteriana em Áreas Degradadas.....	20
<b>3. MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	<b>22</b>
3.1 Unidade de Recuperação de Áreas Degradadas e Redução da Vulnerabilidade Climática (URAD) .....	22
3.2. Amostragem de solo a granel .....	23
3.3. Extração e sequenciamento de DNA.....	23
3.4 Análise de dados .....	24
<b>4. RESULTADOS</b> .....	<b>25</b>
4.1. Estrutura, diversidade e composição da comunidade bacteriana.....	25
4.2 Rede de conexões e ocupação de nicho .....	27
<b>5. DISCUSSÃO</b> .....	<b>29</b>
5.1. Estrutura, diversidade e composição da comunidade bacteriana.....	29
5.2 Rede de conexão e ocupação de nicho .....	31
<b>6. CONCLUSÕES</b> .....	<b>33</b>
<b>7. REFERÊNCIAS</b> .....	<b>34</b>

## 1. INTRODUÇÃO

A degradação dos solos é uma ameaça mundial que tem aumentado significativamente ao longo dos anos. Segundo a Organização das Nações Unidas, aproximadamente 25% das terras no mundo estão em processo de degradação, afetando cerca de 3,2 bilhões de pessoas (ONU, 2023). Este processo promove instabilidade econômica e social, causando impactos na agricultura e no ambiente (Barbut e Alexander, 2016). Particularmente, este fenômeno tem promovido perdas significativas de biodiversidade (AbdelRahman, 2023), principalmente relacionadas ao ecossistema do solo (KRAAMWINKEL et al., 2021).

Associado a esse panorama, observa-se que o processo de restauração é um desafio e que ocorre a longo prazo (SVEJCAR e KILDISHEVA, 2017). A restauração pode melhorar a produtividade do solo e das plantas, sequestrar Carbono (C) e recuperar a biodiversidade do solo (LAL et al., 2015). Estudos tem demonstrado um efeito positivo a longo prazo na biodiversidade do solo a partir da restauração de terras degradadas em todo o mundo (PEREIRA et al., 2022; HUANG et al., 2023).

Um dos constituintes mais abundantes e diversos da biodiversidade do solo são as bactérias, que desempenham processos essenciais para o funcionamento do solo (LLADÓ,S;LÓPEZ-MONDÉJAR,R;BALDRIAN., 2017), sendo significativamente impactada de forma negativa pela degradação do solo (DONG et al., 2021). No entanto, o processo de restauração também pode apresentar efeitos positivos na comunidade bacteriana do solo (PEREIRA et al., 2021; MA et al., 2021; XU et al., 2022). Por exemplo, Ma et al., (2021) observaram um aumento da diversidade bacteriana e alterações na microbiota do solo, semelhantes às encontradas em ecossistemas nativos, numa área sob restauração de terras na China.

No Brasil, as áreas da região semiárida conhecidas como Núcleos de Degradação de Gilbués e Irauçuba, que tem sofrido um intenso processo de degradação ao longo dos anos, vêm sendo submetidas a diferentes estratégias de restauração desde os anos 2000. A técnica de adubação verde e exclusão de pastoreio adotadas, respectivamente, e nos dois núcleos de degradação tem exibido resultados interessantes em termos de recuperação de comunidades microbianas do solo (ARAUJO et al., 2013; PEREIRA et al., 2021, 2022). Como se observa, essas áreas foram restauradas a longo prazo, mais especificamente em duas décadas. Já as respostas das comunidades microbianas do solo em áreas degradadas em

restauração a curto prazo, ainda são desconhecidas, como a da área pertencente ao Programa de Recuperação de Áreas Degradadas e Redução da Vulnerabilidade Climática (URAD).

A implantação da URAD recebeu apoio do governo brasileiro que investiu cerca de US\$ 10 milhões de dólares para aplicar estratégias de recuperação dessas terras degradadas (ONU, 2018). A principal estratégia ambiental, a construção de cordões de pedra para conservação da água e do solo com o objetivo de evitar a erosão do solo, recuperar a diversidade biológica do solo e criar condições para a produção de alimentos.

A URAD foi implantada em 2018 e durante os dois primeiros anos de atuação no semiárido brasileiro, promoveu melhorias sociais e econômicas para a população local por meio do aumento da produção de alimentos (MMA, 2018). No entanto, do ponto de vista ambiental, nenhuma avaliação foi realizada até o momento, o que inclui a avaliação da biodiversidade do solo. Mesmo com as estratégias ambientais aplicadas na recuperação da URAD, não está claro se esse efeito a curto prazo poderia alterar as comunidades bacterianas do solo em comparação com o solo degradado da região. A principal hipótese deste estudo é que as práticas de conservação da água e do solo a curto prazo são eficazes na restauração da comunidade bacteriana do solo.

Este estudo teve como objetivo avaliar a estrutura, diversidade e composição da comunidade bacteriana do solo em degradação e restauração, em comparação com um ambiente nativo do semiárido brasileiro.

## **2. REFERENCIAL TEORICO**

### **2.1. Degradação do solo no Nordeste**

A degradação do solo refere-se à modificação do seu estado de saúde, levando a uma redução na capacidade do ecossistema em oferecer bens e serviços (FAO, 2016).

Embora a definição de degradação do solo seja complexa, a Convenção das Nações Unidas para o Combate à Desertificação determina que seu conceito seja resultado de diferentes fatores, entre eles as variações climáticas e as atividades humanas, que geram alterações físicas, químicas e biológicas que comprometem o ecossistema associado ao solo (ARAÚJO et al.,2024).

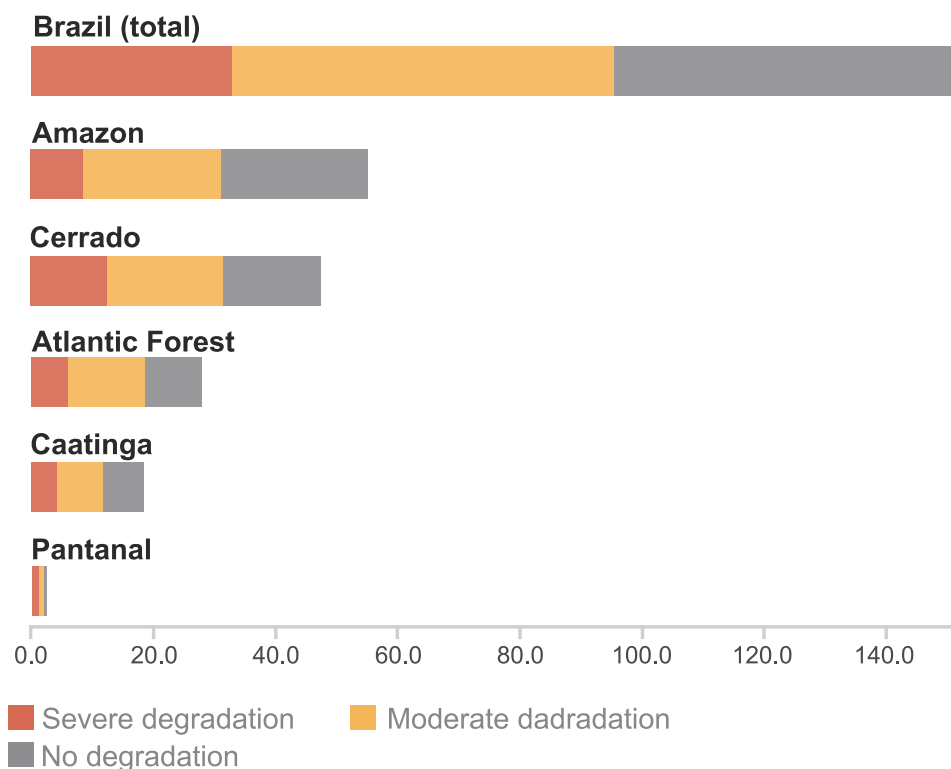
A degradação do solo é um problema global, crítico e crescente, com implicações

para uma série de áreas políticas fundamentais, incluindo a segurança alimentar, as alterações climáticas, que podem ocasionar inundações ou secas, alteração na qualidade da água, resiliência agrícola, incidência de doenças nas culturas agrícolas, com efeito sobre a biodiversidade e os recursos genéticos (XIE et al., 2020; NABI et al., 2020; MAPA, 2021). Desde o século XX, este processo acelerou tornando-se um grande problema ambiental em todo o mundo (UNCCD, 2013), Cerca de 12 milhões de hectares de terra são perdidos anualmente devido à degradação (PNUD.,2022).

Com relação ao Brasil, existe uma grande quantidade de terras degradadas ou terras em processo de degradação ou desertificação no país. De acordo com a rede de monitoramento ambiental MapBiomias, o Brasil tem 95,5 milhões de hectares de pastagens degradadas, podendo ser encontrado terras degradadas em todas as regiões e biomas brasileiros (MAPBIOMA., 2021), conforme a Figura abaixo.

### **MOST OF BRAZIL'S PASTURES ARE DEGRADED**

Area of pasture in biome and soil status in 2021, in million hectares



**Figura 1:** Grau e situação de degradação do solo em área de pastagem no ano de 2021 em diversas áreas Brasileiras. Fonte: <https://dialogochino.net/>

Estudos revelam que no semiárido brasileiro, que representa 11% do território do país, aproximadamente 16% das terras são suscetíveis à desertificação (ALVALÁ et al., 2019).

O Semiárido brasileiro ocupa uma área de 969.589 km<sup>2</sup>, abrangendo principalmente a região Nordeste (AGUIAR et al., 2022). Ele se estende pelos estados do Ceará, Rio Grande do Norte, grande parte da Paraíba e Pernambuco, Sudeste do Piauí, Oeste de Alagoas e Sergipe, região central da Bahia e uma faixa do norte de Minas Gerais e do Espírito Santo (BRASIL, 2005).

A região do semiárido nordestino brasileiro é formado pelo bioma, Caatinga, que ocupa cerca de 8,62% do território brasileiro, e mais de 70% da região Nordeste (MICCOLIS et al., 2016; GADELHA., 2021), possuem características edafoclimáticas e hidrológicas apresentando irregularidade de período de chuvas e secas (ALBUQUERQUE et al., 2020). A precipitação média se encontra numa amplitude que varia de 250 a 800 mm anuais, distribuídos durante três a cinco meses, com elevadas taxas evapotranspirométricas, em média 2.000mm/ano, proporcionando déficit de umidade no solo durante a maioria dos meses do ano.

Na maior parte dessas áreas, predominam solos rasos, fortemente ácidos e de baixa fertilidade natural. Fragmentos de rochas são frequentes na superfície, o que dá ao solo um aspecto pedregoso (MACEDO et al., 2021)

Dentro da região semiárida nordestina existem quatro principais núcleos de desertificação o de Cabrobó (PE), o de Seridó (RN), o de Irauçuba (CE) e o de Gilbués (PI), que juntos ocupam mais de 20 mil quilômetros quadrados. Esses núcleos possuem área de grande fragilidade ambiental e potencial elevado de degradação dos solos (BRASIL., 2007; MOREIRA, 2021).

No estado do Piauí, onde se localiza o núcleo de degradação de Gilbués, mais de 67% do solo dos municípios sofrem o processo de degradação e desertificação. Na região sudoeste desse estado, aproximadamente 7.759,56 km<sup>2</sup> de terras exibem degradação em estágio acelerado (ALBUQUERQUE et al., 2020).

No município de Gilbués, a grande incidência desse processo se dá em virtude da ocupação pelas atividades de pecuária extensiva, pela expansão da atividade agrícola ao sul desse território e pela atividade de garimpagem artesanal de diamantes (LOPES e SOARES., 2016). A intensa atividade agrícola em terras degradadas, ocasiona uma ameaça à integridade ambiental, a partir da perda de carbono (C), nitrogênio (N) e fósforo (P) e outros nutrientes essenciais a culturas cultivadas ( DE

SOUSA., 2021 ).

O processo de degradação geralmente inicia com o desmatamento e a substituição da vegetação nativa por plantas cultivadas, de porte e/ou ciclo de vida diferente (DARIO., 2022). Na Caatinga, por exemplo, que constitui a vegetação dominante do semiárido, a sua vegetação arbustiva e arbórea é substituída por pastos herbáceos ou culturas de ciclo curto. Associada a essa substituição, o cultivo contínuo, com a retirada dos produtos agrícolas e sem reposição dos nutrientes exportados, leva à perda da fertilidade do solo (SAMPAIO et al., 2003; PEREZ-MARIN, et al., 2012).

Essa problemática é sobretudo agravada nas regiões semiáridas, devido às condições climáticas instáveis, as atividades antrópicas que intensificam o processo de degradação do solo e à vegetação que possui dificuldade em se restaurar naturalmente (ROTHACKER et al., 2018; SILVA et al., 2018; LIMA et al., 2020; ZHANG et al., 2020). Essas mudanças estruturais diminuem a quantidade de matéria orgânica, causam perda de nutrientes, interferem nos serviços ecossistêmicos e reduzem a capacidade de produção vegetal (CELENTANO et al., 2016; PACHECO et al., 2018; COBAN; DE DEYN; VAN DER PLOEG, 2022).

Neste cenário, é imprescindível a implantação de métodos de restauração baseados em estratégias produtivas e sustentáveis que priorizem técnicas modernas de conservação do solo e da água, a fim de minimizar os efeitos causados pela degradação e, ao mesmo tempo, promover a restauração desse ambiente, a produção de alimentos e conservar a biodiversidade (MUÑOZ-ROJAS et al., 2016; PRATIBHA et al., 2023).

## **2.2. Unidade de restauração de áreas degradadas e redução da vulnerabilidade climática-URAD**

A restauração do solo e de ecossistemas é extremamente importante, em que favorecem o bom funcionamento físico e químico do solo, incrementam o teor de matéria orgânica, o aumento da fertilidade, a melhoria da atividade bacteriana, o fornecimento de alimentos às pessoas por meio da produção agrícola e o fortalecimento dos serviços ecossistêmicos (ARAÚJO et al., 2013; MATOS et al., 2022). No entanto, também é um desafio (BUSTAMANTE et al., 2019) que envolve alto investimento financeiro. Com isso, é necessário encontrar alternativas que contribuam para a regeneração natural em paisagens tropicais diversificadas.

Diante da degradação como uma problemática mundial, foi fundada na França em 17 de junho de 1994, a Convenção das Nações Unidas para o Combate à Desertificação (UNCCD) nos países afetados por seca grave ou desertificação. A UNCCD é um acordo internacional que vincula juridicamente o meio ambiente e o desenvolvimento à gestão sustentável dos solos, sendo encarregada de enfrentar os desafios globais colocados pela degradação dos solos (CAMERON., 2018).

A Conferência da UNCCD reuniu-se para a Cúpula de Desenvolvimento Sustentável, onde lançaram a "Agenda 2030". Essa agenda abrange 17 objetivos destinados a transformar o mundo em diversas dimensões. Um destaque crucial é a Meta 15.3, que estabelece a diretriz específica de "combater a desertificação e restaurar a terra e o solo degradado até 2030" (JOLY C.A et al., 2019). Isso inclui não apenas áreas diretamente afetadas pela desertificação, mas também aquelas impactadas por secas e inundações. Além disso, a meta visa um mundo neutro em termos de degradação do solo, destacando a urgência de ações coordenadas para preservar a saúde dos ecossistemas terrestres.

Levando em conta os métodos de restauração, o governo brasileiro estabeleceu medidas de combate ao avanço contínuo da degradação por meio da criação do Departamento de Desenvolvimento Rural Sustentável e Combate à Desertificação (DRSD) do Ministério do Meio Ambiente (MMA). O DRSD criou as Unidades de Recuperação De Áreas Degradadas e Redução da Vulnerabilidade Climática (URAD) que utilizam métodos cooperativos entre o meio ambiental, social e econômico e buscam promover vias de conservação e recuperação dos recursos naturais para garantir condições de segurança alimentar e melhorar a qualidade de vida da população local.

Dentre os objetivos estabelecidos para prática sustentável de uso da terra estão o manejo adequado de pastagens, utilização de terraços, controle de queimadas e o reflorestamento (AMORIM et al., 2020; SILVA; RIOS, 2020). A nível ambiental, a prioridade consiste na conservação do solo, preservação da biodiversidade, abastecimento de água potável e produção sustentável de alimentos. A nível social, procura-se atender as necessidades energéticas e hídricas das comunidades residentes da região em que a URAD foi implantada. As ações econômicas consistem na implementação de práticas de apicultura e sistemas integrados de lavoura-pecuária-floresta, a fim de que se obtenha renda para as comunidades residentes (MMA.,2018).

Na URAD são utilizados alguns métodos de recuperação tais como: Construção de Barragens de Pedra Sucessivas, Cordões de pedra, Cordões Vegetados, Terraceamento, Escarificação-sulcamento, Revegetação de Matas Ciliares/nascentes, Exclusão de Pastagens, dentre outras práticas (MMA., 2018).

A estratégia já apresenta resultados em áreas rurais do sertão de Sergipe, alguns assentamentos utilizados como local piloto localizados no município Canindé de São Francisco (SE), contam, hoje, com nascentes recuperadas e barragens para evitar erosões, além de áreas de incentivo à Integração de Lavoura, Pecuária e Floresta (ILPF) (MARTINS., 2022).

Embora o histórico de degradação ambiental no Brasil e no mundo seja antiga, as pesquisas relacionadas a compreensão da dinâmica desse processo e os mecanismos de restauração são recentes (GUERRA et al., 2020). Estudos tem demonstrado, que as estratégias de restauração aplicadas em áreas desertificadas no semiárido brasileiro têm melhorado as propriedades químicas, biológicas e bacterianas dos solos.

Estudos realizados por Pereira et al., (2021) verificaram que a exclusão de pastagens com sobrepastoreio e adição de adubação verde possibilitam a recuperação da diversidade e composição das comunidades bacterianas, bem como melhora as propriedades químicas do solo em condições semiáridas. Lima et al., (2023), reafirmam que o sobrepastoreio contínuo degrada significativamente a saúde do solo, enquanto a exclusão do pastoreio a longo prazo (duas décadas) pode recuperar os índices da saúde do solo para níveis semelhantes aos encontrados em solos de vegetação nativa do bioma Caatinga localizado em terras áridas brasileiras.

Além da exclusão de pastagem, a manutenção de espécies arbóreas em áreas de pasto, a utilização de terraços e a semeadura de adubo verde melhoraram a diversidade e abundância de bactérias e arqueas do solo e aumentaram a estabilidade das funções microbianas do solo que são importantes para a resiliência e sustentabilidade ambiental (ARAUJO et al., 2023), essas práticas também atuam na recuperação de ambientes sujeitos a estresse e degradação, pois dentre suas funções o solo também serve como abrigo para a fauna local (MOURA e SILVA., 2021).

### **2.3. Comunidade bacteriana em áreas degradadas**

As bactérias do solo representam o grupo mais abundante e diversificado de microrganismos no solo. Estudos mostram que existem cerca de 6.000–50.000 espécies bacterianas por grama de solo (VAN DER HEIJDEN et al., 2008; KLEINGESINDS, 2010).

A comunidade bacteriana exerce funções essenciais no ecossistema do solo, sendo responsáveis pela manutenção da sua fertilidade, decomposição da matéria orgânica, ciclagem de nutrientes e a regulação dos gases de efeito estufa, influenciando diretamente no crescimento das plantas e a estabilidade geral do ecossistema (MORRIS; BLACKWOOD, 2015; HUPFAUF et al., 2016; LING et al., 2016;z). Além disso, a diversidade desses microrganismos tem sido utilizados como indicadores da qualidade e saúde do solo (HUANG et al., 2022).

Em ecossistemas degradados, os microrganismos do solo sofrem impactos diretos do processo de degradação, como alteração do pH do solo, desequilíbrios de nutrientes e presença de poluentes. Esses processos alteram a diversidade biológica do solo, o que causa mudanças nas funções do ecossistema e promove perturbações na atividade enzimática do solo (GUO et al., 2018; ZHOU et al., 2019).

Diante do papel importante que as comunidades microbianas do solo exercem no ecossistema, é fundamental que se aprofunde os estudos relacionados as funções específicas que elas realizam (GARRIS et al., 2016), a fim de que se compreenda as alterações de diversidade e composição que essas comunidades podem sofrer quando submetidas a processos de degradação (ABULAIZI M et al., 2023). Diante da relação entre a comunidade microbiana e a qualidade do solo, esses microrganismos podem ser utilizados como indicadores da saúde do solo. Esses indicadores não apenas oferecem uma compreensão mais abrangente das condições do solo, mas também desempenham um papel crucial no processo de recuperação do mesmo (WU et al., 2018).

Pereira et al., (2022) ao comparar a diversidade de microrganismos presentes no solo de distintas áreas, sendo elas: uma nativa, outra em degradação e uma de restauração, localizadas em uma região semiárida do Nordeste do Brasil, verificaram que a deterioração do solo influencia diretamente na discrepância entre os microrganismos, tendo uma redução da diversidade microbiana quando comparada com as outras áreas.

As condições ambientais sítios, disponibilidade de água no solo, o pH, a densidade aparente e a composição e biomassa das plantas, têm sido amplamente considerados como os principais elementos competitivos que alteram a comunidade microbiana (YANG et al., 2019). Portanto, as mudanças nas propriedades físico-químicas do solo e nos atributos das plantas durante o processo de degradação podem alterar rigorosamente a diversidade e a composição da comunidade microbiana do solo (DONG et al., 2021).

Dentre os microrganismos que compõe a diversidade microbiana do solo, temos as bactérias. Elas são o elo de ligação entre o solo e a planta, e podem influenciar significativamente na decomposição da matéria orgânica, ciclagem de nutrientes e a mineralização do solo. Além disso, atuam na promoção de crescimento vegetal e no funcionamento dos ecossistemas especialmente na ciclagem do carbono e no aquecimento global (SILVA., 2019).

De acordo com alguns estudos existem amplas evidências de que as comunidades bacterianas respondem direta ou indiretamente às mudanças no ambiente do solo provocadas pela atividade antrópica (HERMANS et al.,2020). Pesquisas realizadas por Plassart et al., (2019) demonstraram que o uso da terra se correlaciona com mudanças na composição da comunidade bacteriana e que solos fortemente manejados contêm comunidades bacterianas distintas em comparação com solos não manejados.

Diante do exposto, compreender a diversidade e função da comunidade bacteriana em áreas degradadas é crucial para implementar estratégias eficazes de recuperação. Assim, ao reconhecer e valorizar a comunidade bacteriana, podemos não apenas revitalizar ecossistemas danificados, mas também promover a resiliência a longo prazo dessas áreas (PEREIRA et al., 2021)

### **3. MATERIAIS E MÉTODOS**

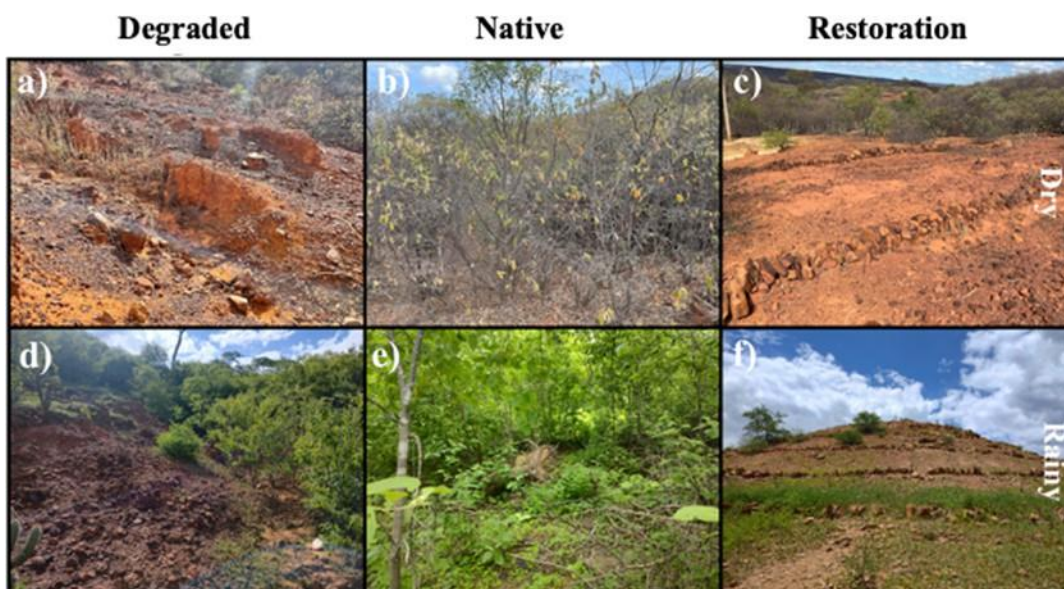
#### **3.1 Unidade de Recuperação de Áreas Degradadas e Redução da Vulnerabilidade Climática (URAD)**

Neste estudo foram avaliados sítios pertencentes à URAD (Figura 1), localizados em Santo Antônio Lisboa, região semiárida do estado do Piauí, Brasil (6° 58' 51"S 41° 14' 02"W). Esta URAD é apoiada pelo Governo Brasileiro através do Ministério do Meio

Ambiente. A região apresenta clima seco, com temperaturas variando de 21 ° C (estação chuvosa) a 39°C (estação seca) e precipitação anual em torno de 690 mm.

As principais espécies vegetais nativas encontradas nesta região são o angico (*Anadenanthera colubrina*), o cumaru (*Amburana cearensis*), a faveleira (*Cnidocolus phyllacanthus*) e sabiá (*Mimosa caesalpiniaefolia*). A área da URAD representa uma bacia hidrográfica suscetível à erosão se a superfície do solo estiver desprotegida pela vegetação. A degradação do solo nesta região ocorreu através da exploração de espécies nativas (produção de carvão vegetal) e da exposição da superfície do solo ao impacto direto das chuvas que promoveram perdas de solo por erosão.

Para avaliar o efeito da degradação dos solos e potenciais das práticas de restauração, selecionamos três sítios principais (~1 ha): a) área degradada; b) área restaurada; e uma área nativa. As práticas de restauração começaram em 2019 aplicando estratégias de curto e médio prazo. No curto prazo de 3 anos, as práticas incluíram a construção de sucessivas barragens de pedra (cordões de pedras) que permitiram a retenção das águas pluviais, evitando a erosão do solo e aumentando a umidade do solo. No médio prazo, as práticas consistiram na recuperação das matas ciliares com a recuperação de espécies nativas.



**Figura 2.** Cenários paisagísticos: Áreas degradadas (a e d), nativas (b e e) e em restauração (c e f) durante as estações seca e chuvosa.

### **3.2. Amostragem de solo a granel**

Cada local principal foi dividido em quatro transectos (~2.500 m<sup>2</sup>) e três pontos por transecto foram usados para coletar amostras de solo (0-10 cm de profundidade) e agrupados para obter uma amostra composta por transecto. A amostragem de solo foi realizada nas estações seca (outubro de 2022) e chuvosa (fevereiro de 2023). A amostragem foi feita com instrumentos estéreis e em sacos e mantidos a -80 °C antes da extração do DNA. As propriedades químicas do solo foram determinadas de acordo com Tedesco et al. (1995).

### **3.3. Extração e sequenciamento de DNA**

De acordo com as orientações do fabricante, realizamos o processo de extração de DNA de 0,5 gramas de solo utilizando o DNeasy PowerSoil, e posteriormente armazenado a -20°C. A qualidade do DNA foi avaliada por espectrofotometria utilizando o Nanodrop ND-1000. Para a amplificação da região V4 do gene 16S rRNA, empregamos o 2X Kapa HiFi HotStart Ready Mix.

O procedimento de amplificação incluiu uma etapa inicial a 95°C por 3 minutos, seguida de 35 ciclos a 98°C por 20 segundos, 55°C por 30 segundos, 72°C por 30 segundos e uma etapa final de extensão a 72°C. Por 5 minutos.

Posteriormente, conduzimos um segundo índice de PCR empregando o kit de índice Nextera XT v2 conjunto A da Illumina. Os produtos de PCR resultantes foram purificados usando Agencourt Esferas AMPure XP, e sua quantificação foi realizada utilizando um fluorômetro Qubit com o kit dsDNA BR Assay. As bibliotecas foram submetidas ao sequenciamento pareado usando o Illumina MiSeq Reagent Kit v2 (300 ciclos, 2 × 150 pb) no Centro de Genômica e Bioinformática ( CeGenBio ) da Universidade Federal do Ceará.

### **3.4 Análise de dados**

As leituras brutas foram analisadas seguindo o tutorial “Moving Pictures” (v. 2023.7) do QIIME 2 (Quantitative Insight Into Microbial Ecology). Resumidamente, amostras demultiplexadas foram importadas e o controle de qualidade da sequência

e a construção da tabela de características foram feitos através do pipeline DADA2. Para analisar posteriormente, adotamos uma profundidade de amostragem de 9537.

Posteriormente, os artefatos QIIME 2 foram carregados no pacote phyloseq no RStudio e criaram diversidade alfa (ASVs observados, Chao1 e Shannon) e beta (gráfico de escala multidimensional não métrica, NMDS). Métricas. PERMANOVA foi utilizado para testar diferenças entre comunidades bacterianas entre tratamentos (degradada, nativa e restauração) e estações (seca e chuvosa), enquanto Kruskal-Wallis, um teste não paramétrico, foi adotado para testar diferenças entre amostras (médias). A composição microbiana foi obtida no banco de dados SILVA v. 138 e a abundância relativa (%) foi gerada no phyloseq através de gráficos de histograma.

Análises de redes de conexões foram conduzidas para avaliar as inter-relações dentro das comunidades bacterianas em três tratamentos URAD distintos. Essas análises envolveram o exame de correlações positivas e negativas, bem como a avaliação do número de nós e arestas nas redes. Análises de conexões não aleatórias foram conduzidas especificamente usando SparCC . Para realizar essas análises de conexões, foi utilizado o módulo Python ' SparCC ', e a visualização da rede subsequente e as medidas estatísticas foram computadas através do Gephi.

A avaliação da ocupação de nicho, especificamente a distribuição de generalistas e especialistas dentro de cada tratamento URAD, foi determinada utilizando o método de classificação multinomial de espécies. Esta análise foi realizada em R, utilizando o pacote 'vegan' e a função ' clamtest ', com nível de significância fixado em 5%.

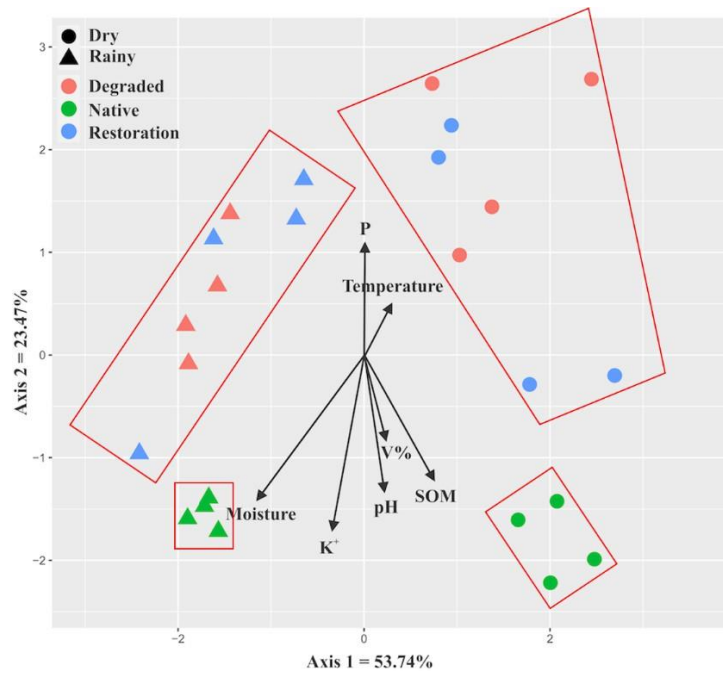
### **3. RESULTADOS**

#### **3.1. Estrutura, diversidade e composição da comunidade bacteriana**

A estrutura da comunidade bacteriana do solo mudou comparando sítios e estações (Figura S1). Houve uma separação clara e significativa entre a estação seca e chuvosa para a estrutura das comunidades bacterianas e arquea. Dentro de cada estação, observamos uma clara separação entre sítios nativos em comparação com ambos os sítios em degradação e restauração que se agruparam.

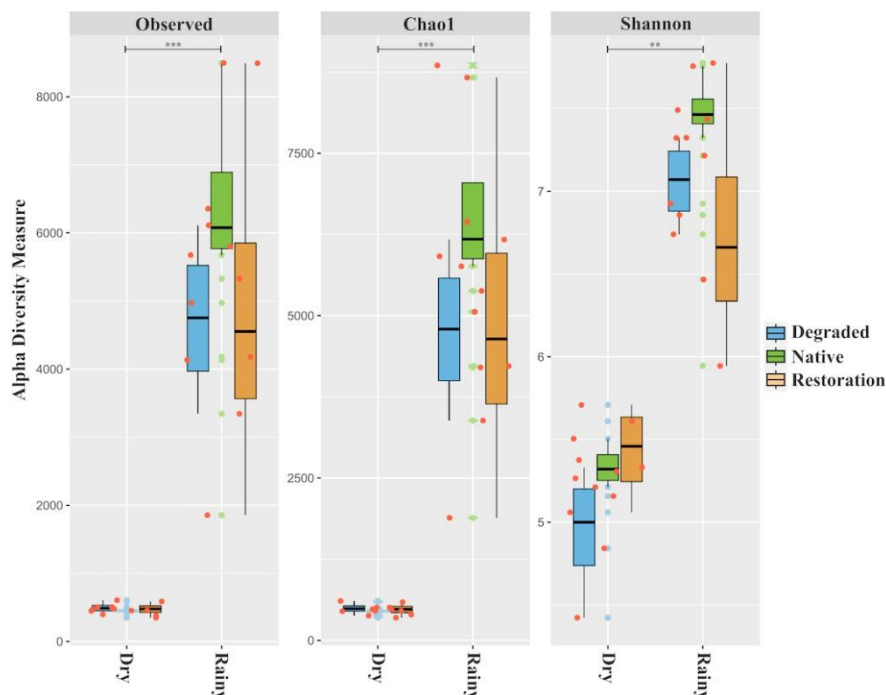
A análise de redundância mostrou alguns parâmetros do solo que impulsionam as respostas da comunidade bacteriana (Figura 3). Em geral, o teor de P e a temperatura influenciaram a comunidade bacteriana nos sítios em degradação e

restauração. Em contrapartida, a umidade do solo, MOS, pH, teor de K e V% influenciaram a comunidade bacteriana no sítio nativo.



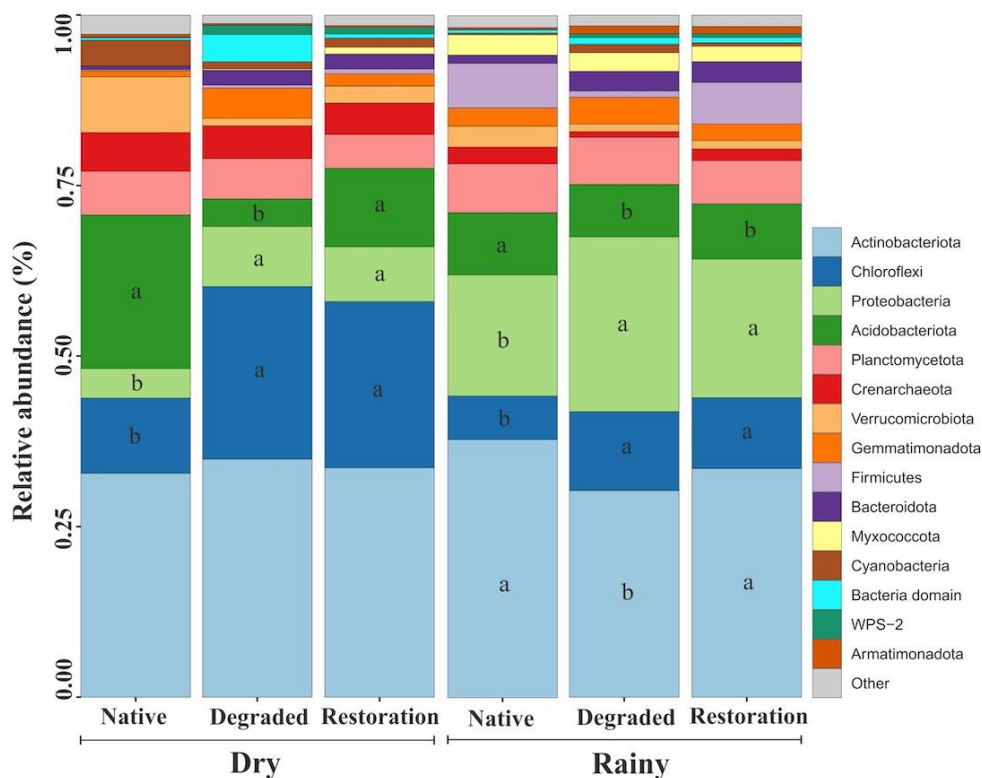
**Figura 3.** Escala multidimensional não métrica (NMS) comparando grupos microbianos em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa.

Os índices ecológicos também foram influenciados pelos sítios e estações do ano (Figura 4). Independentemente dos sítios, os menores valores observados de ASVs e índices de Chao1 e Shannon foram encontrados durante a estação seca. Na estação seca, não observamos diferenças comparando todos os sítios para os ASVs observados e índice de Chao, enquanto o índice de Shannon apresentou valores mais elevados em ambos os sítios sob mata nativa e restauração. Na estação chuvosa, o local sob mata nativa apresentou os maiores valores observados para ASVs, índices de Chao 1 e Shannon, enquanto ambos os sítios sob degradação e restauração não diferiram entre si.



**Figura 4.** Diversidade alfa (isto é, índices ASVs, Chao1 e Shannon observados) em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa..

Em geral, Actinobacteria, Chloroflexi, Proteobacteria, Acidobacteria e Planctomycetota foram os filos mais abundantes observados em todos sítios áreas (Figura 5) e a abundância relativa dos principais filos mudou de acordo com os sítios avaliados. Em ambas épocas, os sítios em degradação e restauração apresentaram maior abundância de Chloroflexi e Proteobacteria do que o sítio nativo. Em contrapartida, o sítio nativo apresentou maior abundância de Acidobactérias em comparação aos demais.

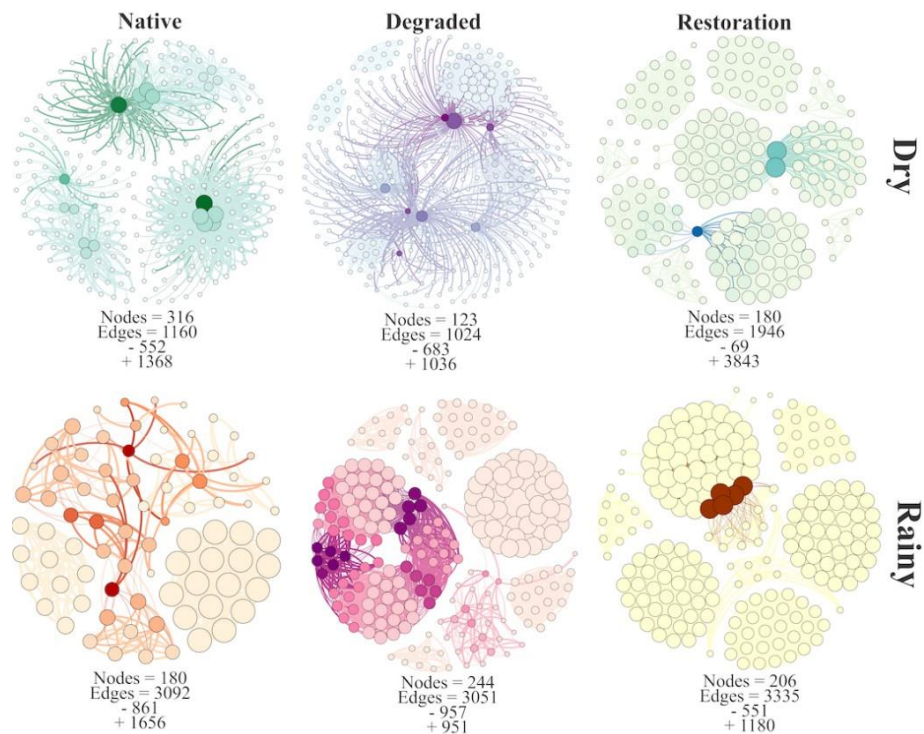


**Figura 5.** Composição microbiana (abundância relativa) dos principais filos em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa. O teste de Kruskal-Wallis foi utilizado para determinar se existem diferenças estatisticamente significativas entre estações e tratamentos. Os casos mais baixos compararam os tratamentos dentro de cada estação.

#### 4.2 Rede de conexões e ocupação de nicho

A análise das conexões microbianas, por rede de conexões, mostrou diferenças comparando os sítios avaliados tanto na estação seca quanto na chuvosa (Figura 6). No período seco, o sítio sob vegetação nativa apresentou maior número de nós (316 nós), enquanto o sítio em restauração apresentou maior número de arestas (1946 arestas) e conexões positivas (+1036). No período chuvoso, o local em degradação apresentou maior número de nós (244 nós).

Curiosamente, o local em degradação apresentou maior número de ligações negativas (-683 e -957 nas estações seca e chuvosa, respectivamente) do que outros sítios.

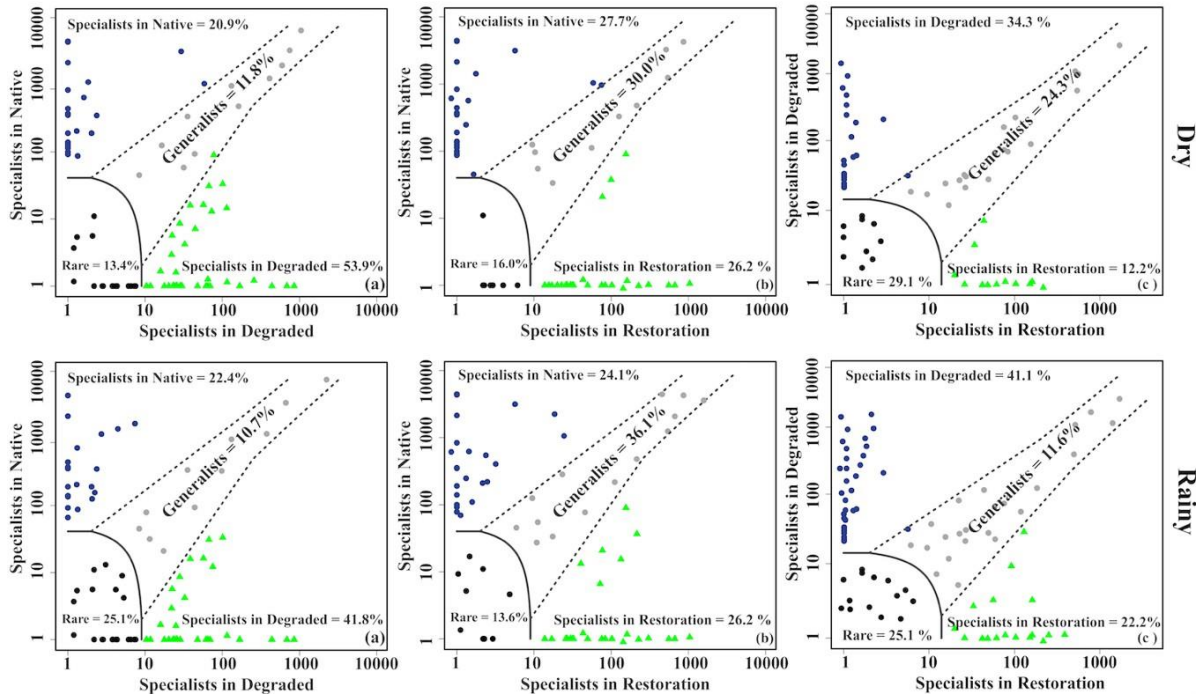


**Figura 6.** Redes microbianas (metodologia SparCC) em áreas degradadas, nativas e em restauração durante as estações seca e chuvosa. Os - e + significam interação negativa e positiva entre microrganismos, respectivamente. A construção da rede foi feita utilizando o software Gephi

A análise de ocupação de nicho mostrou respostas distintas das comunidades microbianas comparando os sítios avaliados (Figura 7). Os resultados mostraram que a degradação diminuiu a proporção de generalistas enquanto aumentou a proporção de especializados. Comparando sítios nativos e degradados, a proporção de generalistas foi menor (11,8% e 10,7% na estação seca e chuvosa, respectivamente) do que especialistas com maior proporção de especialistas observados em sítios degradados (53,9% e 41,8% na estação seca e chuvosa, respectivamente).

Quando comparados o sítio nativo com aqueles em restauração, os generalistas superaram os especialistas tanto na época seca quanto na chuvosa. A comparação entre sítios em degradação e restauração mostrou maior proporção de

especialistas em sítio degradado (34,3% e 41,1% nos períodos seco e chuvoso, respectivamente), porém essa proporção faleceu em sítio em restauração (12,2% e 22,2% nos períodos seco e chuvoso). temporada, respectivamente).



**Figura 7.** Método de classificação multinomial de espécies (CLAM) para teste de ocupação de nicho baseado na comparação pareada em áreas degradadas, nativas e em restauração nos períodos seco e chuvoso.

## 4. DISCUSSÃO

### 4.1. Estrutura, diversidade e composição da comunidade bacteriana

Essa estrutura diferente da comunidade bacteriana do solo comparando sítios sob floresta nativa e degradação já era esperada, uma vez que a degradação do solo altera as condições do solo e altera as comunidades microbianas (DONG et al., 2021), principalmente em regiões semiáridas (PEREIRA et al., 2021, 2022). Da mesma forma, já eram esperadas diferenças na estrutura bacteriana em relação às estações seca e chuvosa devido ao efeito significativo da maior umidade do solo e das temperaturas mais baixas na estação chuvosa que são mais adequadas aos micróbios.

De acordo com Li et al. (2021) e Lacerda Junior et al. (2019), a umidade e a temperatura do solo são os principais impulsionadores das comunidades microbianas. Por outro lado, não observamos um efeito claro da restauração na alteração da estrutura bacteriana em comparação ao solo degradado, pode ter ocorrido devido ao efeito de curto prazo das práticas de restauração, ou seja, cerca de 3 anos, o que não foi suficiente para promover mudança significativa na comunidade bacteriana do solo. Estudos anteriores em sítios em restauração no semiárido brasileiro mostraram mudanças significativas na comunidade bacteriana do solo após duas décadas de implantação de práticas de restauração (ARAUJO et al., 2014; PEREIRA et al., 2021, 2022). Nossos resultados sugerem que alguns anos não são suficientes para alterar a comunidade bacteriana do solo em resposta à degradação da terra.

A riqueza e a diversidade da comunidade bacteriana do solo diminuíram significativamente em sítios degradados em comparação com florestas nativas. O principal processo de degradação do solo observado em nosso estudo é através da erosão do solo e esse processo contribui para perdas de matéria orgânica e nutrientes do solo ( BASHAGALUKE et al., 2018) e essas condições têm efeito negativo na diversidade microbiana do solo (BOBULSKA et al., 2021) e alterar a estrutura bacteriana do solo ( YAVIT et al., 2021).

Em relação à erosão do solo, alguns estudos anteriores relataram efeito negativo deste processo na diversidade microbiana do solo (LI ET al., 2015; QIU et al., 2021). Assim, a prática aplicada na URAD visa reverter a erosão do solo e restaurar as condições do solo. Por outro lado, é necessário tempo para observar mudanças significativas nas condições do solo após a aplicação da estratégia de restauração. De fato, os nossos resultados mostraram que a riqueza e a diversidade bacteriana do solo não mostraram diferenças significativas comparando sítios sob degradação e restauração da terra em um curto período de tempo.

A composição da comunidade bacteriana apresentou maior abundância de Chloroflexi e Proteobacteria em ambos os sítios sob degradação e restauração, o que sugere que a degradação favoreceu estes filos. A elevada abundância de Chloroflexi pode ser explicada pela alta versatilidade deste filo para suportar condições desfavoráveis, como terras degradadas (SELARI et al., 2021). Em relação às Proteobactérias, sabe-se que este filo apresenta alguma adaptação a terras

degradadas (ZHOU et al., 2019). Por outro lado, as práticas restaurativas ainda não foram suficientes para alterar o domínio destes filos.

Um estudo anterior relatou que após 4 anos de restauração, por exclusão de pastoreio, em terras degradadas, não foi observada qualquer alteração na composição microbiana do solo e que o Chloroflexi era abundante tanto em terras degradadas como em terras restauradas (WANG et al., 2021). Os resultados também mostraram que o sítio nativo apresentou maior abundância de Acidobacteria . Acidobactérias são um grupo de bactérias encontradas em solos nativos (Wang et al., 2022), principalmente em regiões tropicais, sendo importantes para diversas funções do solo (Liu et al., 2014). Nossos resultados sugerem um efeito negativo da degradação na abundância de Acidobactérias , o que corrobora com um estudo anterior que avaliou a degradação do solo (SUI et al., 2022).

## **5.2 Rede de conexão e ocupação de nicho**

A análise da rede de conexão fornece a compreensão das relações dentro dos grupos microbianos e pode mostrar insights sobre a ecologia microbiana do solo (GUSEVA et al., 2022). No entanto, as relações nas comunidades microbianas são influenciadas pelo ambiente do solo, ou seja, pela umidade e temperatura (FRINDTE et al., 2019) e pela cobertura do solo e matéria orgânica (PEREIRA et al., 2022). Essas características poderiam explicar as diferenças na rede de conexão observada nos sítios tanto na estação seca quanto na chuvosa.

Os resultados observados na estação seca revelaram maior número de nós no local sob vegetação nativa, o que sugere que esta condição preserva mais espécies-chave e sua conectividade (GUSEVA et al., 2022). Assim, preservar as condições do solo nas florestas nativas pode manter as interações, a complexidade e a estabilidade das comunidades microbianas do solo (QI et al., 2019). Um ecossistema mais estável e complexo apresenta maior capacidade de suportar mudanças ambientais (DINI-ANDREOTE et al., 2014). Por outro lado, o local em restauração apresentou maior conectividade com conexões positivas, sugerindo que o esforço de restauração poderia recuperar o estado ecológico das comunidades microbianas do solo.

Esta alta conectividade microbiana significa a troca de informações entre espécies-chave (QI et al., 2019), o que é importante para o solo em restauração

recuperar sua funcionalidade, como a ciclagem de nutrientes (BARBERÁN et al., 2012). Os resultados encontrados no período chuvoso mostraram que o local em degradação apresentou maior número de nós, porém, estes apresentaram maiores conexões negativas. Este resultado sugere alguma competição entre espécies-chave que poderia diminuir a funcionalidade do solo (MANDAKOVIC et al., 2023).

Avaliando a proporção de micróbios generalistas e especialistas comparando os sítios avaliados, observamos maior proporção de micróbios generalistas em solo em condições nativas, enquanto especialistas foram altamente encontrados em solo sob degradação. A principal diferença relatada comparando micróbios generalistas e especialistas é a sua versatilidade às mudanças ambientais, onde os especialistas são menos tolerantes que os generalistas que conseguem manter a estabilidade da comunidade quando submetidos a mudanças ambientais (XU et al., 2022).

Nas terras degradadas, houve uma diminuição de generalistas com um aumento de especializados devido a condições específicas promovidas pela degradação do solo e isso poderia explicar a elevada proporção de micróbios especialistas em sítios sob degradação. Assim, estes resultados sugerem um efeito negativo da degradação sobre os micróbios generalistas, o que implica uma homogeneização da comunidade microbiana (DEVICTOR et al., 2008) e uma diminuição da versatilidade dos microrganismos (CHEN et al., 2021).

Por outro lado, os esforços de restauração contribuíram para diminuir a elevada proporção de especialistas encontrados em terras degradadas e aumentaram o número de generalistas. Portanto, as práticas de restauração poderiam, a longo prazo, aumentar a presença de generalistas, contribuindo para recuperar a estabilidade ecológica do solo.

## **5. CONCLUSÕES**

Este estudo mostrou que a degradação altera a comunidade bacteriana do solo com diferenças distintas comparando sítios nativos e degradados. . Curiosamente, os esforços de restauração a curto prazo (cerca de 3 anos) não produziram mudanças significativas na comunidade bacteriana, destacando a necessidade de uma avaliação a longo prazo.

Por outro lado, os esforços de restauração apresentam potencial para aumentar micróbios generalistas que contribuem para a estabilidade ecológica do solo. Mais estudos devem centrar-se nos efeitos a longo prazo da restauração nas comunidades microbianas do solo e nos seus papéis funcionais.

## 6. REFERÊNCIAS

ABULAIZI M, CHEN M, YANG Z, HU Y, ZHU X AND JIA H (2023) Response of soil bacterial community to alpine wetland degradation in arid Central Asia. *Front. Plant Sci.* 13:990597. doi: 10.3389/fpls.2022.990597.

AGUIAR, Luane Sousa *et al.* A importância do projeto dom helder câmara (pdhc) para os agricultores familiares do semiárido: uma análise a partir dos dados do projeto monitora unb/sead. **Razão Contábil e Finanças**, v. 13, n. 2, 2022.

ALVALA, ´ R., CUNHA, A.P., BRITO, S.S., et al., 2019. Drought monitoring in the Brazilian Semiarid region. **An. Acad. Bras. Cienc.** 91

ALBUQUERQUE, Diêgo Souza et al. Cenário da desertificação no território brasileiro e ações de combate à problemática no estado do Ceará, Nordeste do Brasil. **Desenvolvimento e Meio Ambiente**, v. 55, 2020.

AMORIM, H. C. S., ASHWORTH, A. J., MOORE, P. A., JR., WIENHOLD, B. J., SAVIN, M. C., OWENS, P. R., JAGADAMMA, S., CARVALHO, T. S., & XU, S. (2020). Soil quality indices following long-term conservation pasture management practices. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 301, 107060. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2020.107060>.

ARAÚJO, A. S. F., CESARZ, S., LEITE, L. F. C., BORGES, C. D., TSAI, S. M., & EISENHAUER, N. (2013). Soil microbial properties and temporal stability in degraded and restored lands of Northeast Brazil. **Soil Biology and Biochemistry**, 66, 175–181. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.07.013>

ARAUJO, A.S.F., DE ARAUJO PEREIRA, A.P., MELO, V.M.M. *et al.* Environmental DNA Sequencing to Monitor Restoration Practices on Soil Bacterial and Archaeal Communities in Soils Under Desertification in the Brazilian Semiarid. **Microb Ecol** 85, 1072–1076 (2023). <https://doi.org/10.1007/s00248-022-02048-y>

ARAUJO, A.S.F, DE MEDEIROS, E.V, DA COSTA, D.P, DE ARAUJO PEREIRA, A.P, & MENDES, L.W. From desertification to restoration in the Brazilian semiarid region: Unveiling the potential of land restoration on soil microbial properties. **Journal of Environmental Management**, Volume 351, 2024.

BRASIL – Ministério do Meio Ambiente (MMA). Programa de Ação Nacional de Combate à Desertificação e Mitigação dos Efeitos da Seca – **PAN-BRASIL**, 2005. Disponível em: . Acesso em: abr. 2023.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. Atlas das áreas susceptíveis à desertificação do Brasil. Organizador do texto: **Marcos Oliveira Santana**. Brasília, 2007. 134p.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente Estratégia para conviver com a seca no sertão. Organizador do texto: **Lucas Tolentino**. Brasília, 2018. Disponível em: <https://antigo.mma.gov.br/informma/item/14778-noticia-acom-2018-05-3007.html>: Acesso em : Dezembro 2023

ABDELRAHMAN, M.A.E., 2023. An overview of land degradation, desertification and sustainable land management using GIS and remote sensing applications. **Rend. Fis. Acc. Lincei**. <https://doi.org/10.1007/s12210-023-01155-3>.

BASHAGALUKE, J.B., LOGAH, V., OPOKU, A., *et al.*, 2018. Soil nutrient loss through erosion: Impact of different cropping systems and soil amendments in Ghana. *PLoS One*. 19, e0208250. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208250>.

BARBERÁN, A., BATES, S.T., CASAMAYOR, E.O., FIERER, N., 2012. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities. **ISME J** 6, 343–351. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.119>.

BARBUT, M., ALEXANDER, S., 2016. Land Degradation as a Security Threat Amplifier: The New Global Frontline. In: Chabay, I., Frick, M., Helgeson, J. (ed.) **Land Restoration, Academic Press**, 2016, Pages 3-12, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801231-4.00001X>.

BOBULSKÁ, L., ESPÍNDOLA, S.P., COELHO, M.A., *et al.*, 2021 Impact of land use on soil function and bacterial community in the Brazilian savanna. **An Acad Bras Cienc** 93, e20201906. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202120201906>.

CAMERON, A. Restoration of Ecosystems and Ecosystem Services. In: Schreckenberg, K.; Mace, G.; Poudyal, M. (Eds.). *Ecosystem Services and Poverty Alleviation. Tradeoffs and Governance*. **London: Routledge**, 2018. p. 142-156.

CHEN, Y.J., LEUNG, P.M., WOOD, J.L. *et al.*, 2021. Metabolic flexibility allows bacterial habitat generalists to become dominant in a frequently disturbed ecosystem. **ISME J** 15, 2986–3004. <https://doi.org/10.1038/s41396-021-00988-w>.

DARIO, Fabio Rossano. Processos ecológicos para recuperação de áreas degradadas. Editora **Senac** São Paulo, 2022.

DEVICTOR, V., JULLIARD, R., JIGUET, F., 2008. Distribution of specialist and generalist species along spatial gradients of habitat disturbance and fragmentation. **Oikos**. 117, 507–14.

DE SOUZA, HENRIQUE ANTUNES; LEITE, LUIZ FERNANDO CARVALHO; MEDEIROS, JOÃO CARLOS. **Solos Sustentáveis**. 2021.

DINI-ANDREOTE, F., SILVA M.C.P., TRIADÓ-MARGARIT, X., *et al.*, 2014. Dynamics of bacterial community succession in a salt marsh chronosequence: evidences for temporal niche partitioning. **ISME J** 8, 1989–2001. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.54>.

DONG, L., LI, J., SUN, J. *et al.*, 2021. Soil degradation influences soil bacterial and fungal community diversity in overgrazed alpine meadows of the Qinghai-Tibet Plateau. **Sci Rep** 11, 11538. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-91182-7>

FRINDTE, K., PAPE, R., WERNER, K., *et al.*, 2019. Temperature and soil moisture control microbial community composition in an arctic-alpine ecosystem along elevational and micro-topographic gradients. **ISME J**, 13, 2031-2043. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0409-9>

GADELHA, Eric Chaves. Indicadores qualitativos e quantitativos do solo em agroecossistemas na Comunidade Ideal, Aracoiaba-CE. 2021.

GUSEVA, K., DARCY, S., SIMON, E., *et al.*, 2022. From diversity to complexity: Microbial networks in soils. **Soil Biol. Biochem.** 169, 108604, <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2022.108604>.

GUO, X., FENG, J., SHI, Z., ZHOU, X., YUAN, M., TAO, X., HALE, L., YUAN, T., WANG, J., QIN, Y., ZHOU, A., FU, Y., WU, L., HE, Z., VAN NOSTRAND, J. D., NING, D., LIU, X., LUO, Y., TIEDJE, J. M., ... ZHOU, J. (2018). Climate warming leads to divergent

succession of grassland microbial communities. **Nature Climate Change**, 8(9), 813–818. <https://doi.org/10.1038/s41558-018-0254-2>

HERMANS, Syrie M. et al. Using soil bacterial communities to predict physico-chemical variables and soil quality. **Microbiome**, v. 8, p. 1-13, 2020.

HUANG, W., HE, Y., WANG, H., *et al.*, 2023. Long-term effects of restoration on the links between above-and belowground biodiversity in degraded Horqin sandy grassland, Northern China. **Front. Environ. Sci.** 11, 1128187. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2023.1128187>.

HUANG, H., TIAN, D., ZHOU, L., SU, H., MA, S., FENG, Y., TANG, Z., ZHU, J., JI, C., & FANG, J. (2022). Effects of afforestation on soil microbial diversity and enzyme activity: A meta-analysis. **Geoderma**, 423, 115961. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2022.115961>

JOLY C.A.; SCARANO F.R.; SEIXAS C.S.; METZGER J.P.; OMETTO J.P.; BUSTAMANTE M.M.C.; PADGURSCHI M.C.G.; PIRES A.P.F.; CASTRO P.F.D.; GADDA T.; TOLEDO P. (eds.) (2019). 1º Diagnóstico Brasileiro de Biodiversidade e Serviços Ecológicos. **Editora Cubo, São Carlos** pp.351. <https://doi.org/10.4322/978-85-60064-88>.

KRAAMWINKEL, C.T., BEAULIEU, A., DIAS, T., *et al.*, 2021. Planetary limits to soil degradation. **Commun Earth Environ** 2, 249. <https://doi.org/10.1038/s43247-021-003233>.

KLEINGESINDS, Carolina Krebs. Efeito da inoculação de uma bactéria endofítica fixadora de nitrogênio (*Acinetobacter* sp. ICB117) no desenvolvimento da cana-de-açúcar (*Saccharum* sp. variedade SP791011). 2010. **Tese de Doutorado**. Universidade de São Paulo.

LAL, R., 2015. Restoring Soil Quality to Mitigate Soil Degradation. **Sustainability** 7, 5875-5895. <https://doi.org/10.3390/su7055875>.

LACERDA-JÚNIOR, G.V., NORONHA, M.F., CABRAL, L., *et al.*, 2019. Land Use and Seasonal Effects on the Soil Microbiome of a Brazilian Dry Forest. **Front. Microbiol.**

10, 648. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00648>

LLADÓ, S., LÓPEZ-MONDÉJAR, R., BALDRIAN, P., 2017. Forest Soil Bacteria: Diversity, Involvement in Ecosystem Processes, and Response to Global Change. **Microbiol Mol Biol Rev.** 12e00063-16. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00063-16>.

LI, Z., XIAO, H., TANG, Z., *et al.*, 2015. Microbial responses to erosion-induced soil physico-chemical property changes in the hilly red soil region of southern China. **Eur J Soil Biol.** 71, 37–44.

LI, W., JIANG, L., ZHANG, Y., *et al.*, 2021. Structure and driving factors of the soil microbial community associated with *Alhagi sparsifolia* in an arid desert. *PLoS One.* 9, e0254065. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0254065>.

LIMA, Antonio Yan Viana *et al.* The exclusion of grazing restores soil health in Brazilian dry areas undergoing desertification. **Applied Soil Ecology**, p. 105107, 2023.

LIU, J.J., SUI, Y.Y., YU, Z.H., *et al.*, 2014. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of Northeast China. **Soil Biol. Biochem.** 10, 113–122. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01424>

MANDAKOVIC, D., AGUADO-NORESE, C., GARCÍA-JIMÉNEZ, B. *et al.*, 2023. Testing the stress gradient hypothesis in soil bacterial communities associated with vegetation belts in the Andean Atacama Desert. **Environ. Microbiome** 18, 24. <https://doi.org/10.1186/s40793-023-00486-w>

MARTINS, E. (ed.). **Caderno de casos: semiárido brasileiro: Alto Sertão Sergipano - Sergipe: unidade de recuperação em áreas degradadas - URAD.** Canindé de São Francisco, Sergipe, 2022

MA, Y., FENG, C., WANG, Z., *et al.*, 2021. Restoration in degraded subtropical broadleaved forests induces changes in soil bacterial communities. **Gl. Ecol. Conserv.** 30, e01775. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01775>.

MACEDO, Rodrigo Santana *et al.* Processos pedogenéticos e susceptibilidade dos solos à degradação no semiárido brasileiro. **Revista Caminhos de Geografia**, v. 22, n. 81, p. 176-195, 2021.

MICCOLIS, A. *et al.* Restauração ecológica com sistemas agroflorestais: como conciliar conservação com produção. Brasília, DF: **Instituto Sociedade, População e Natureza**, 2016.

MOURA, Flávia de Barros Prado; SILVA, José Vieira. **Restauração na caatinga 2**. Editora da Universidade Federal de Alagoas, 2021.

MOREIRA, Jarlane Viana. Caracterização molecular da comunidade bacteriana associada à crosta biológica do solo no bioma Caatinga. **Trabalho de conclusão de curso** 2021..

LOPES, L. S. de; Soares, R. C. Suscetibilidade à Desertificação das terras secas de Gilbués (estado do Piauí) e Cabrobó (estado do Pernambuco), Nordeste do Brasil. **Revista Geográfica de América Central**, 1(56), 307-323, 2016. doi: 10.15359/rgac.1-56.13

PEREZ-MARIN, ALDRIN MARTIN *et al.* Núcleos de desertificação no semiárido brasileiro: ocorrência natural ou antrópica?. 2012.

PEREIRA APA, LIMA LAL, BEZERRA WM *et al* (2021) Grazing exclusion regulates bacterial community in highly degraded semiarid soils from Brazilian Caatinga biome. **Land Degrad Dev** 32:2210–2225

PEREIRA, A.P.A., MENDES, L.W., OLIVEIRA, F.A.S., *et al.*, 2022. Land degradation affects the microbial communities in the Brazilian Caatinga biome. **Catena** 211, 105961, <https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105961>.

QI, G., MA, G., CHEN, S., *et al.*, 2019. Microbial Network and Soil Properties Are Changed in Bacterial Wilt-Susceptible Soil. **Appl Environ Microbiol**. 17, e00162-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.0016219>.

QIU, L., ZHANG, Q., ZHU, H. *et al.*, 2021a. Erosion reduces soil microbial diversity, network complexity and multifunctionality. **ISME J** 15, 2474–2489 <https://doi.org/10.1038/s41396-021-009131>.

QIU, L., ZHU, H., LIU, J., *et al.*, 2021b. Soil erosion significantly reduces organic

carbon and nitrogen mineralization in a simulated experiment. **Agr Ecosyst Environ.** 307, 107232.

SELARI, P.J.R.G., OLCANHESKI, L.R., FERREIRA, A.J., *et al.*, 2021. Short-Term Effect in Soil Microbial Community of Two Strategies of Recovering Degraded Area in Brazilian Savanna: A Pilot Case Study. **Front. Microbiol.** 12, 661410.

SILVA, José Maciel Mariano da. Bactérias solubilizadoras de fosfato inorgânico em solo preservado e antropizado da reserva biológica de Pedra Talhada-AL. 2019. **Trabalho de Conclusão de Curso.**

SUI, X., FREY, B., YANG, L., *et al.*, 2022. Soil Acidobacterial community composition changes sensitively with wetland degradation in northeastern of China. **Front. Microbiol.** 13, 1052161. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1052161>.

SVEJCAR, L.N., KILDISHEVA, O.A., 2017. The age of restoration: challenges presented by dryland systems. **Plant Ecol** 218, 1–6. <https://doi.org/10.1007/s11258-016-0694-6>

VAN DER HEIJDEN, M. G. A. *et al.* The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. **Ecology Letters**, v. 11, p. 296-310, 2008.

WANG, M.Y., WENG, X.H., ZHANG, R.T., *et al.*, 2022. The diversity and composition of soil microbial community differ in three typical wetland types of the Sanjiang plain Northeastern China. **Sustainability** 14,14394. <https://doi.org/10.3390/su142114394>.

WANG, J., LI, W., CAO, W., *et al.*, 2021. Soil bacterial community responses to short-term grazing exclusion in a degraded alpine shrubland – grassland ecotone. **Ecol. Indic.** 130, 108043. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.108043>.

WU, C.; CHEN, W.; CAO, C.; TIAN, R.; LIU, D.; BAO, D. 2018. Diagnosis of Wetland Ecosystem Health in the Zoige Wetland, Sichuan of China. *Wetlands* [Online], 38(3), 469-484. **Springer Science and Business Media LLC.**

XU, H., CHEN, C., PANG, Z., *et al.*, 2022. Short-Term Vegetation Restoration Enhances the Complexity of Soil Fungal Network and Decreased the Complexity of

Bacterial Network. **J Fungi (Basel)**, 25, 1122. <https://doi.org/10.3390/jof8111122>.

YAVITT, J.B., PIPES, G.T., OLMOS, E.C., *et al.*, 2021. Soil Organic Matter, Soil Structure, and Bacterial Community Structure in a Post-Agricultural Landscape. **Front. Earth Sci.** 9, 590103. <https://doi.org/10.3389/feart.2021.590103>.

YANG, Chao; LIU, Nan; ZHANG, Yingjun. Soil aggregates regulate the impact of soil bacterial and fungal communities on soil respiration. **Geoderma**, vol. 444-452, 2019.

ZHOU, H., *et al.* 2019. Changes in the soil microbial communities of alpine steppe at Qinghai-Tibetan Plateau under different degradation levels. **Sci. Total Environ.** 651, 2281–229