

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

DESMATAMENTO E MICROBIOTA DO SOLO: EXPLORANDO OS IMPACTOS NA COMPOSIÇÃO E DIVERSIDADE

**Higor Alixandre Macette, Thamyres Cardoso da Silveira, Geisa Corrêa Louback,
Eduardo de Sá Mendonça.**

Universidade Federal do Espírito Santo/Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alto Universitário
s/n, 29500-000 – Alegre - ES, Brasil.

higor.macette@edu.ufes.br, tcssilveira@gmail.com, geisa.louback1980@gmail.com,
eduardo.mendonca@ufes.br

Resumo

A atividade antrópica do desmatamento possui um impacto significativo não só na flora e macrofauna de uma região, como também nos microrganismos presentes no solo. O objetivo desse estudo foi revisar os efeitos do desmatamento sobre a composição e diversidade da microbiota do solo, com foco em dados do gene 16S do rRNA. Após a busca na base de dados *Web of Science*, 8 artigos foram selecionados para esta revisão. A maioria dos artigos avaliou a microbiota do solo da Amazônia e comparou a diversidade entre áreas de floresta e áreas desmatadas, convertidas para uso agrícola. Em geral, a microbiota do solo da floresta apresentou maior diversidade. Os filos mais abundantes foram Actinobacteria, Acidobacteria, Proteobacteria e Verrucomicrobia. Todos os artigos destacaram diferenças na composição da microbiota de florestas e de áreas desmatadas. Vários artigos citaram o filo Firmicutes como um dos mais abundante em solos agrícolas e o filo Proteobacteria como um dos mais abundante em solos de floresta. Os artigos revelaram que o desmatamento altera a composição da microbiota do solo e que medidas de conservação devem considerar estudos dessa natureza.

Palavras-chave: 16S rRNA, floresta tropical, comunidade bacteriana

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônômica - Agronomia

Introdução

O desmatamento provoca impactos significativos ao meio ambiente e sobre os ecossistemas, sobretudo no solo. À medida que as florestas são removidas cedendo lugar às atividades como agricultura, urbanização e exploração de recursos naturais, emerge uma série de efeitos deletérios, incluindo perda acentuada de biodiversidade, degradação do solo, desequilíbrio nos ciclos hidrológicos, perda de carbono para a atmosfera, bem como uma elevação nas emissões dos gases que contribuem para o efeito estufa (BARRROS et al., 2021). Adicionalmente, o desmatamento compromete os habitats de espécies vegetais e animais, culminando em extinções locais e globais (SOUSA et al., 2017).

Os impactos pelos desmatamentos sobre o solo se manifestam pela maneira em que os usos e coberturas do solo moldam suas características físicas, químicas e biológicas (SAHANI et al., 2001). Essas características, por sua vez, são capazes de alterar a composição e a diversidade da microbiota do solo (CUSTÓDIO et al., 2021).

Notavelmente, os solos abrigam uma riqueza e diversidade bacteriana superiores às da água e do ar, devido a sua heterogeneidade de substratos. Estima-se que há um milhão de espécies de bactérias em apenas 30 gramas de solo florestal, com potencial para abrigar um bilhão de espécies em escala global (BALD et al., 2021).

Os dados do Instituto World Resources revelam a existência de aproximadamente 1,1 bilhão de hectares de florestas primárias remanescentes no mundo. Contudo, somente em 2021, uma área correspondente a 4,1 milhões de hectares de florestas primárias foram devastadas. Considerando o território ocupado pelas florestas e a variabilidade de microrganismos que povoam os solos dos diversos biomas, compreende-se a importância de investigar os impactos do desmatamento na microbiota do solo, a fim de fomentar estratégias de conservação eficazes (WRI, 2022).

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Além disso, a identificação co-ocorrente de microrganismos no solo oferece percepções valiosas sobre as características funcionais e estratégias adaptativas das comunidades microbianas dentro de seus ecossistemas (KHAN et al., 2019). Assim, o objetivo desse estudo foi revisar os efeitos do desmatamento sobre a composição e diversidade da microbiota do solo, com foco em dados do gene 16S do rRNA.

Metodologia

A base de dados utilizada para esta revisão foi compilada por meio de buscas no *Web of Science*. A busca inicial foi realizada utilizando as palavras *soil* e *biodiversity*. Posteriormente, os resultados foram refinados pelos termos *deforestation* e em depois por 16S. Por fim, os resultados foram filtrados por título, descartando os artigos que não se alinham no escopo do estudo.

Resultados

A busca inicial selecionou 31514 artigos. O refinamento pelo termo *deforestation* resultou em 823 artigos e pelo termo 16S resultou em 14 artigos. Após exclusão por título, 8 artigos foram baixados e analisados em sua integridade para esta revisão (Tabela 1).

Tabela1: Relação entre número de artigos e ecossistemas avaliados.

Ecossistema	Artigos	Autores
Amazônia	4	(MELO et al.,2021; MERLOTI et al.,2019; COSTA et al.,2023; RANJAN et al.,2015; LAMMEL et al.,2021*)
Floresta Yungas	1	(MONTECCHIA et al.,2015)
Floresta de Turfa	2	(MAIDIN et al.,2016; BERKELMAN et al.,2018)
Cerrado	1	(LAMMEL et al.,2021*)

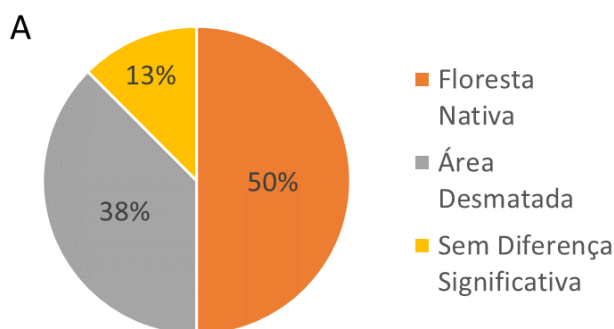
*Artigo incluído no ecossistema Floresta Amazônica e Cerrado.

Fonte: Os autores.

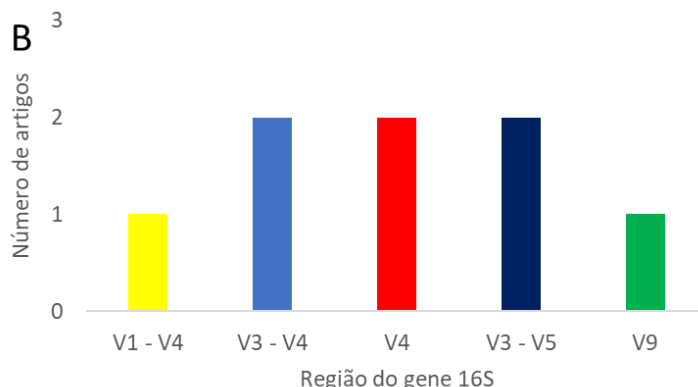
Os 8 artigos revisados avaliaram o impacto do desmatamento de florestas tropicais, subtropicais e do Cerrado na composição e diversidade de comunidades bacterianas do solo. A maioria dos artigos avaliou ecossistemas Amazônicos, dois se concentraram na avaliação da Floresta de Turfa da Indonésia e Malásia e um investigou a Floresta de Yungas na Argentina (Tabela 1).

Os artigos compartilharam um foco comum na comparação da diversidade da microbiota do solo em florestas nativas com aquelas encontradas em áreas desmatadas, posteriormente convertidas em pastagens, campos agrícolas, áreas de silviculturas ou florestas secundárias. Entre os estudos analisados, 4 verificaram maior diversidade na floresta nativa, 3 detectaram maior diversidade na área desmatada e um não observou diferenças significativas na diversidade da microbiota entre as áreas nativas e áreas desmatadas (Figura 1A).

Figura 1 – Relação quantidade de artigos Revisados. A, Porcentagem de artigos e região onde foi observada maior biodiversidade do solo. B, Quantidade de artigos e região do gene 16S amplificada.



A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições



Fonte. Os autores.

Cada um dos artigos amplificou regiões hipervariáveis do gene 16S, adaptando diferentes regiões para as suas análises. As regiões V3-V4 (COSTA et al., 2023; MERLOTI et al., 2019), V4 (MELO et al., 2021; MONTECCHIA et al., 2015) e V3-V5 (BERKELMAN et al., 2018; MAIDIN et al., 2016) foram amplificadas e empregadas em dois estudos cada, enquanto as regiões V1-V4 (RANJAN et al., 2015) e V9 (LAMMEL et al., 2021) foram amplificadas e selecionadas em um único estudo cada (Figura 1B).

Em relação a composição da microbiota, os filos mais abundantes e citados em todos os artigos foram: Actinobacteria, Acidobacteria, Proteobacteria e Verrucomicrobia. Uma exceção notável é encontrada nos estudos de Ranjan et al (2015), que focaram exclusivamente no filo Verrucomicrobia, e nos estudos de Berkelman et al (2018) e Maidin et al. (2016) que não mencionaram o filo Verrucomicrobia em suas análises. Todavia, todos os artigos destacaram diferenças significativas na composição da microbiota de florestas nativas e de áreas desmatadas que foram convertidas em pastagens, campos agrícolas, silvicultura ou florestas secundárias.

Merloti et al. (2019) relataram uma maior abundância dos filos Proteobacteria, Acidobacteria, Planctomycetes e Thermotogae em solos de floresta nativa, enquanto os solos agrícolas foram melhor representados por filos como Actinobacteria, Chlorofelxi, Firmicutes, Gemmatimonadetes e Bacteroidetes.

O estudo conduzido por Montecchia et al. (2015) na Floresta de Yungas, Argentina, enfatizou que em solos agrícolas, o filo Verrucomicrobia sofreu uma acentuada redução, enquanto o filo Firmicutes apresentou maior abundância.

Os resultados de Berkelmann et al (2018) evidenciaram que as classes Alphaproteobacteria e Rhizobiales foram significativamente mais abundantes em solos nativos em comparação com solos agrícolas. Por outro lado, a classe Frankiales foi mais abundante em solos agrícolas do que em solos nativos.

A relação entre a composição da microbiota do solo e seus atributos químicos, físicos e biológicos também foi explorada em alguns dos artigos revisados. Por exemplo, Ranjan et al. (2021) identificou uma marcante correlação entre a abundância do filo Verrucomicrobia e o teor de carbono do solo. Em outro estudo, conduzido por Berkelmann et al. (2018), fatores abióticos como pH, concentração de cálcio, saturação de bases e a relação C:N emergiram como determinantes-chave na modulação das comunidades bacterianas. Adicionalmente, Merloti et al. (2019) demonstrou que os níveis de cálcio (Ca), alumínio (Al), amônio (NH₄⁺) e nitrogênio total (N-total) do solo apresentaram correlações significativas com a estrutura global da comunidade microbiana.

Discussão

A revisão demonstrou uma grande escassez de trabalhos que investiguem os impactos do desmatamento sobre a diversidade e composição da microbiota do solo, principalmente em florestas temperadas e boreais, uma vez que todos os trabalhos foram voltados para florestas tropicais e

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

subtropicais. Um dos motivos para essa maior importância das florestas tropicais é que embora apenas metade (227 Mha) da perda global de cobertura de árvores neste século tenha ocorrido na ecozona tropical, os trópicos foram responsáveis por quase 97% de todo o desmatamento global, associado à urbanização, agricultura e outras produções de commodities (WRI, 2022).

Os estudos avaliados nessa revisão revelaram que o desmatamento exerceu influência sobre a composição da microbiota do solo, alterando a sua composição. No entanto, os impactos na biodiversidade foram variados entre as investigações.

Embora a amplificação das regiões V3-V4 do gene 16S seja comumente empregada para estimar a diversidade taxonômica e a composição bacteriana, recentemente, sugere-se a inclusão de diferentes regiões hipervariáveis para obter conclusões mais robustas sobre a riqueza e a composição da microbiota (LIU et al., 2008; MYSARA et al., 2017). Nesse contexto, os estudos avaliados nessa revisão adotaram diversas regiões hipervariáveis, inclusive a região V9 que é mais dificilmente avaliada.

A avaliação da comunidade microbiana emerge como um componente essencial para compreender os processos ecológicos e o papel funcional da microbiota nos ecossistemas terrestres. Os resultados desta revisão evidenciaram que a abundância dos filos Actinobacteria, Acidobacteria, Proteobacteria e Verrucomicrobia nos solos estudados estava consistente com estudos anteriores. Esses filos, amplamente distribuídos em diversos solos, desempenham papéis cruciais em processos ecossistêmicos (HANSEL et al 2008; DENG et al. 2018)

Em geral, os filos mais abundantes em solos de floresta e em solos agrícolas coincidiram entre os artigos analisados nesta revisão. Por exemplo, o aumento da abundância de Firmicutes em solos agrícolas foi enfatizado em quatro artigos revisados (MELO et al., 2021; MERLOTI et al., 2019; MONTECCHIA et al., 2015; COSTA et al., 2023). A abundância desse filo tem sido associada com a resistência de táxons de Firmicutes a condições de estresse, incluindo a dessecação e as mudanças na temperatura do solo durante o dia e a noite (PEDRINHO et al 2023).

Similarmente, o filo Proteobacteria foi considerado mais abundante em solos de floresta, apresentando uma drástica redução em solos de uso agrícola, com base em cinco artigos revisados (BERKELMAN et al., 2018; MAIDIN et al., 2016; MERLOTI et al., 2019; MONTECCHIA et al., 2015; COSTA et al., 2023). Conforme Baćmaga et al. (2022), os representantes do filo Proteobacteria desempenham um papel crucial na degradação da matéria orgânica em ecossistemas florestais, justificando sua presença mais proeminente nesses solos.

Os atributos químicos, físicos e biológicos do solo, que influenciam diretamente a composição e diversidade da microbiota, são afetados pela ocupação e uso da área. De acordo com Custodio et al. (2022), existem diversos fatores abióticos e bióticos relacionados à microbiota, como sua estrutura, textura, temperatura, pH, composição mineral, teor de nutrientes, teor de matéria orgânica e umidade, todos os quais interagem entre si em redes físico-químicas e ecológicas complexas.

Mesmo considerando estudos que investigaram características físicas e químicas do solo, não há um consenso claro sobre o impacto do desmatamento, pois diferentes atributos podem ser afetados de maneiras diversas, dependendo do ecossistema florestal e do uso subsequente da área desmatada (KIANI et al., 2004; GHOLUBI et al., 2019; DAVARI et al., 2020). Mudanças no uso da terra podem desencadear efeitos em cascata nos solos e na biodiversidade do solo, com impactos que reverberam além do local inicial de perturbação (TSIAFOULI et al., 2015).

Em última análise, a alteração na composição da microbiota do solo devido ao desmatamento fortalece a argumentação para a inclusão mais ampla dessas considerações nos esforços de conservação. Mesmo nos casos em que áreas desmatadas apresentam maior biodiversidade, a perturbação na composição da microbiota resulta em modificações nas funções desempenhadas por esses microrganismos, ressaltando a importância de sua preservação.

Conclusão

O desmatamento altera a composição da microbiota do solo e medidas de conservação dos ecossistemas devem considerar estudos dessa natureza. A maioria dos artigos revisados revelou que a microbiota do solo de floresta apresentou maior diversidade. No entanto, os impactos do desmatamento na biodiversidade da microbiota necessitam de investigações mais aprofundadas para melhores esclarecimentos.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Referências

- BALD, Daniela Riteli et al. Microbiota do solo: A diversidade invisível ea sua importância. **Bio Diverso**, v. 1, n. 1, 2021.
- BARROS, G. B. et al. Mecanismos causadores de pressão e impacto ambiental sobre os ecossistemas e florestas nativas. **Silvicultura e manejo florestal: técnicas de utilização e conservação da natureza**. Rio de Janeiro: Editora Científica LTDA, v. 2, p. 233-252, 2021.
- BACMAGA M., Wyszowska J., Borowik A., Kucharski J., Paprocki Ł. Role of forest site type in determining bacterial and biochemical properties of soil. **Ecol. Indic.** 2022;135:108557. doi: 10.1016/j.ecolind.2022.108557.
- BERKELMANN, Dirk et al. How rainforest conversion to agricultural systems in Sumatra (Indonesia) affects active soil bacterial communities. **Frontiers in microbiology**, v. 9, p. 2381, 2018.
- COSTA, Gleyciane Machado da et al. Effects of Degradation on Microbial Communities of an Amazonian Mangrove. **Microorganisms**, v. 11, n. 6, p. 1389, 2023.
- CUSTODIO, Valeria et al. Sculpting the soil microbiota. **The Plant Journal**, v. 109, n. 3, p. 508-522, 2022.
- DAVARI, Masoud et al. Deforestation and cultivation of sparse forest impacts on soil quality (case study: West Iran, Baneh). **Soil and Tillage Research**, v. 198, p. 104504, 2020.
- DENG J, Yin Y, Zhu W and Zhou Y. Variations in Soil Bacterial Community Diversity and Structures Among Different Revegetation Types in the Baishilazi Nature Reserve. **Front. Microbiol.** 9:2874. doi: 10.3389/fmicb.2018.02874. 2018
- GHOLOUBI, Azadeh et al. Long term effects of deforestation on soil attributes: case study, Northern Iran. **Caspian Journal of Environmental Sciences**, v. 17, n. 1, p. 73-81, 2019.
- HANSEL, C. M., Fendorf, S., Jardine, P. M., and Francis, C. A. Changes in bacterial and archaeal community structure and functional diversity along a geochemically variable soil profile. **Appl. Environ. Microbiol.** 74, 1620–1633. doi: 10.1128/AEM.01787-07. 2008
- KHAN MAW, Bohannan BJM, Nüsslein K, Tiedje JM, Tringe SG, Parlade E, Barberán A, Rodrigues JLM (2019) Deforestation impacts network co-occurrence patterns of microbial communities in Amazon soils. **FEMS Microbiol Ecol** 95(2):230. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiy230>
- KIANI, Farshad et al. Effect of deforestation on selected soil quality attributes in loess-derived land forms of Golestan Province, northern Iran. In: **Proceedings of the Fourth International Iran and Russia Conference**. 2004. p. 546-550.
- LAMMEL, Daniel R. et al. Soil biota shift with land use change from pristine rainforest and Savannah (Cerrado) to agriculture in southern Amazonia. **Molecular Ecology**, v. 30, n. 19, p. 4899-4912, 2021.
- LIU, Z., DeSantis, T. Z., Andersen, G. L., and Knight, R. Accurate taxonomy assignments from 16S rRNA sequences produced by highly parallel pyrosequencers. **Nucleic Acids Res.** 36:e120. doi: 10.1093/nar/gkn491. 2008
- MAIDIN, Mohd Shawal Thakib et al. Differences in prokaryotic species between primary and logged-over deep peat forest in Sarawak, Malaysia. **Journal of Oil Palm Research**, v. 28, n. 3, p. 281-295, 2016.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

MELO, Valdinar F. et al. Soil bacterial diversities and response to deforestation, land use and burning in North Amazon, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 158, p. 103775, 2021.

MERLOTI, Luis Fernando et al. Forest-to-agriculture conversion in Amazon drives soil microbial communities and N-cycle. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 137, p. 107567, 2019.

MONTECCHIA, Marcela S. et al. Pyrosequencing reveals changes in soil bacterial communities after conversion of Yungas forests to agriculture. **PloS one**, v. 10, n. 3, p. e0119426, 2015.

Mysara, M., Vandamme, P., Props, R., Kerckhof, F.-M., Leys, N., Boon, N., et al. Reconciliation between operational taxonomic units and species boundaries. **FEMS Microbiol. Ecol.** 93:fix029. doi: 10.1093/femsec/fix029. 2017.

PEDRINHO, A. Et al. Impacts of deforestation and forest regeneration on soil bacterial communities associated with phosphorus transformation processes in the Brazilian Amazon region. **Ecological indicators**. 146 2023. doi: 10.1016/j.ecolind.2022.109779

RANJAN, Kshitij et al. Forest-to-pasture conversion increases the diversity of the phylum Verrucomicrobia in Amazon rainforest soils. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 779, 2015.

SAHANI, U.; BEHERA, N. Impact of deforestation on soil physicochemical characteristics, microbial biomass and microbial activity of tropical soil. **Land Degradation & Development**, v. 12, n. 2, p. 93-105, 2001.

SOUSA, IAN JHEMES OLIVEIRA et al. A diversidade da flora brasileira no desenvolvimento de recursos de saúde. **Uningá Review**, v. 31, n. 1, 2017.

THE INDICATORS OF FOREST EXTENT: Forest Loss. World Research Institute. 2022. Disponível em: < <https://research.wri.org/gfr/forest-extent-indicators/forest-loss#how-much-tree-cover-is-lost-in-tropical-versus-temperate-and-boreal-forests> >. Acesso em: 09, de agosto de 2023.

TSIAFOULI, Maria A. et al. Intensive agriculture reduces soil biodiversity across Europe. **Global change biology**, v. 21, n. 2, p. 973-985, 2015.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), da Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) e da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES).