



Ministério da Educação – Brasil
Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM
Minas Gerais – Brasil
Revista Vozes dos Vales: Publicações Acadêmicas
Reg.: 120.2.095 – 2011 – UFVJM
ISSN: 2238-6424
QUALIS/CAPES – LATINDEX
Nº. 16 – Ano VIII – 10/2019
<http://www.ufvjm.edu.br/vozes>

COMO A RIQUEZA DOS MICRORGANISMOS PRESENTES NO SOLO RIZOSFÉRICO SERÃO OU IRÃO INFLUENCIAR A FITORREMEDIAÇÃO?

Cássia Michelle Cabral
Doutora em Ciência Florestal pela Universidade
Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Diamantina - UFVJM - Brasil
<http://lattes.cnpq.br/8256971689993828>
E-mail: mtchells@yahoo.com.br

Evander Alves Ferreira
Doutor em Fitotecnia pela Universidade Federal de Viçosa - UFV
Pós-doutorando PNPd- UFVJM
Diamantina - UFVJM - Brasil
lattes.cnpq.br/5887024898731149
E-mail: evander Alves@gmail.com

Brenda Thais Barbalho Alencar
Graduanda em Engenharia Florestal pela Universidade
Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Diamantina - UFVJM - Brasil
<http://lattes.cnpq.br/2577708655092869>
E-mail: barbalhobrenda@gmail.com

José Barbosa dos Santos
Doutor em Fitotecnia pela Universidade Federal de Viçosa
Profº Titular na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Diamantina - UFVJM - Brasil
<http://lattes.cnpq.br/1948250121809916>
E-mail: jbarbosasantos@yahoo.com.br

Resumo – Objetivou-se com esse artigo relatar um seguimento das pesquisas realizadas na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri na sublinha Ecotoxicologia Ambiental, coordenadas pelo grupo INOVAHERB. Técnicas para favorecer a degradação de agrotóxicos no ambiente compõem prioridades na área de sustentabilidade ambiental. A influência da rizosfera estabelece importante processo a ser referido quando se fala em fitorremediação de herbicidas. O start fornecido á microbiota associada às raízes das plantas é conhecido como fitoestimulação, e constitui principal mecanismo atuante na remediação de herbicidas e outros compostos orgânicos. Estudos em biotecnologia indicam fungos e bactérias como microorganismos importantes na degradação de compostos químicos, com potencial de ação na recuperação de ambientes contaminados. Na rizosfera, o número de microrganismos é muito maior do que no solo livre; este é um ecossistema capaz de viabilizar crescimento microbiano extremamente especializado, moldando populações consideravelmente maiores do que as habitualmente encontradas em ambientes isentos de raízes. Neste sentido, o estudo da diversidade das comunidades microbianas e sua relação com o ambiente e com a rizosfera da planta associada é de grande importância para o entendimento da dinâmica da remediação.

Palavras-chave: Biorremediação, fitoestimulação, microbiota

Introdução

Herbicidas lixiviáveis tem sido alvo de investigações e discussões em todo mundo, uma vez que a circulação de suas moléculas no ambiente e precisamente no perfil do solo pode alcançar zonas superficiais ou mesmo atingir o lençol freático (FRANCESCHI et al., 2015; GUERRA, 2016; NUNES; VIDAL, 2017). Quando o agrotóxico permanece por mais tempo no solo sem ser adsorvido, degradado ou mineralizado, a probabilidade de lixiviação é maior (PIRES et al., 2003), sendo assim sua atividade dependente das características físico-químicas dos compostos, do tipo de solo, saturação, teor de matéria orgânica, irrigação, regime de chuvas além da presença de espécies vegetais (FIORE et al., 2016).

Diante disso, as pesquisas que se voltam para busca de alternativas ao uso de herbicidas, conjuntamente com técnicas para favorecer sua degradação no ambiente, compõem prioridades na área de sustentabilidade ambiental. A fitorremediação é um processo que estimula a biorremediação na superfície do solo e de corpos d'água pela sua capacidade de aumentar em até duas ordens de grandeza a população microbiana rizosférica (SINGH; SINGH, 2016)

A influência da rizosfera constitui importante processo a ser mencionado quando se fala em fitorremediação de herbicidas. É na rizosfera que ocorre o

aumento da biomassa microbiana, pois as raízes ocupam fisicamente o solo, aumentando a aeração e instituindo condições mais favoráveis aos micro-organismos. Esses são estimulados por meio da liberação de exsudados radiculares (aminoácidos, carboidratos, ácidos orgânicos) e pela decomposição do material vegetal (SINGH; SINGH, 2016). Esse start fornecido á microbiota associada ás raízes das plantas é conhecido como fitoestimulação, principal mecanismo atuante na remediação de herbicidas e outros compostos orgânicos (PIRES et al., 2005). Os micro-organismos beneficiados por este processo viabilizam a decomposição dos contaminantes orgânicos, degradando suas moléculas e reduzindo a toxicidade (JONER & LEYVAL, 2003).

Deste modo, o estudo da diversidade das comunidades microbianas e sua relação com o ambiente e com a rizosfera da planta associada é de grande valia para o entendimento da dinâmica da remediação. Alguns índices matemáticos como, diversidade de Shannon-Weaver e o de equitabilidade de Pielou, fornecem elementos importantes sobre o padrão de distribuição de espécies microbianas dentro do ecossistema (KENNEDY, 1999).

1- Plantas e Microorganismos remediadores.

Trabalhos em relação a degradação de poluentes evidenciam vários micro-organismos extremamente versáteis em catabolizar moléculas recalcitrantes (PEREIRA; DE FREITAS, 2012). Pesquisas em biotecnologia indicam fungos e bactérias como importantes microorganismos na degradação de compostos químicos, havendo elevado potencial de ação na recuperação de ambientes contaminados (TONINI; REZENDE; GRATIVOL, 2010)

Vários organismos podem ser utilizados na degradação, como bactérias, fungos ou plantas (biodegradação), e a eficácia de um ou outro depende da estrutura da molécula e da presença de enzimas aptas em degradar o produto, as quais demonstram especificidade para a maioria dos substratos (PEREIRA; FREITAS, 2012). É por meio deste mecanismo que a biorremediação é realizada. Este processo é viável principalmente quando a estrutura química do xenobiótico é semelhante à estrutura de moléculas naturais (PEREIRA; FREITAS, 2012). Uma das estratégias utilizadas para selecionar fungos com potencial de biorremediação é o

isolamento proveniente de locais contaminados, solos e sedimentos são uma excelente fonte de microrganismos que podem ter alta tolerância, uma vez que esses ambientes são seletivos para os fungos adaptados ao poluente (DE LIMA SOUZA et al., 2016).

A fitorremediação versa sobre a capacidade que algumas espécies vegetais possuem de retirar compostos tóxicos do ambiente (solo e água), promovendo sua descontaminação (RODRIGUES; ORLANDELLI, 2018), podendo contar ainda com o auxílio de sua microbiota associada e amenizantes (corretivos, fertilizantes e matéria orgânica)(TONINI; REZENDE; GRATIVOL, 2010). Essa técnica representa importante ferramenta para a remediação de solos contaminados, uma vez que viabiliza a descontaminação do local, a manutenção da atividade biológica, promovendo assim a recuperação da área a baixo custo (RODRIGUES; ORLANDELLI, 2018)

“Relações simbióticas significam parcerias criativas” René Dubos (1901-1982), Bacteriologista.

A partir do uso de plantas não podemos deixar de considerar a rizosfera, o número de microrganismos na raiz e à sua volta é muito maior do que no solo livre; os tipos de microrganismos na rizosfera também diferem do solo livre de raiz, este é um ecossistema capaz de viabilizar crescimento microbiano extremamente especializado, moldando populações até 100 vezes maiores do que as habitualmente encontradas em ambientes isentos de raízes (MACHADO et al., 2011). Assim, a rizosfera pode ser um ótimo sítio de degradação de compostos orgânicos nocivos, em razão da comunidade microbiana associada (fungos, bactérias e actinomicetos), que muitas vezes pode utilizar as moléculas presentes como fonte de carbono primário e nutrientes. Ainda que os agrotóxicos possam ter efeito negativo na população microbiana, estudos mostram que bactérias podem resistir, e até mesmo proliferar, na presença de agrotóxicos. A ação desses organismos simbiotes com às raízes das plantas, aceleram a degradação de compostos no solo, sendo conhecida como fitoestimulação e compõe um dos principais mecanismos de fitorremediação de herbicidas no solo (CUNNINGHAM et al., 1996; ACCIOLY; SIQUEIRA, 2000).

A fitoestimulação baseia-se na rizodeposição de compostos orgânicos (aminoácidos e polissacarídeos), que auxiliam os microrganismos na degradação de poluentes, principalmente porque esses compostos estimulam a atividade metabólica da microbiota existente no entorno das raízes, conferindo à planta, muitas vezes, uma aptidão rizosférica para a biorremediação, bem como a multiplicação dos microrganismos existentes. Ocorre então a transformação das substâncias químicas persistentes nos solos por ação microbiana, viabilizando sua captura pelas plantas, ou atuando sobre os produtos já metabolizados pelas plantas, resultando em remediação. (VASCONCELLOS; PAGLIUSO; SOTOMAIOR, 2012).

Assim, existe uma grande gama de estudos que evidenciam que a eficiência na remediação feita por microrganismos ou plantas depende da composição da molécula a ser degradada e que a associação entre plantas e microrganismos compondo a rizosfera tem demonstrado maior eficiência em processos de fitorremediação/fitoestimulação. A fitorremediação por meio da fitoestimulação tem despertado interesse, em razão de resultados positivos de remediação obtidas com o emprego de plantas que, comprovadamente, viabilizam a degradação microbiana de compostos orgânicos nocivos no solo (FERREIRA, 2016; GONÇALVES; SAKAMOTO, 2014; MÜLLER SOUTO et al., 2013) e das alterações observadas, quando são confrontados solos vegetados e não vegetados (SILICIANO & GERMIDA, 1999; ARTHUR et al., 2000). Pires *et al.* (2005) analisando a rizosfera de feijão-de-porco (*Canavalia ensiformis*), milheto (*Pennisetum glaucum*), mucuna-anã (*Estizolobium deeringianum*) e mucuna-preta (*Estizolobium aterrimum*) em solo tratado com o herbicida tebuthiuron além de uma testemunha sem planta, em relação a evolução do CO₂, constatou que a rizosfera de feijão de porco apresentou a maior taxa de evolução de CO₂ em relação às demais espécies e ao solo testemunha, provavelmente que a maior atividade observada nos solos cultivados e contaminados com o herbicida, em comparação com o solo sem cultivo, se deva à maior população de microrganismos, devido à capacidade que, possivelmente, essas plantas apresentam em rizodepositar uma gama de substâncias, que resulta na maior proliferação de microrganismos (MÜLLER SOUTO et al., 2013). Outra possibilidade é que a microbiota associada às raízes dessas plantas possam, além de tolerar os herbicidas utilizá-los como substrato para seu metabolismo (MÜLLER SOUTO et al., 2013). Destacando assim a especificidade dos organismos presentes

neste nicho e a possibilidade de que ocorra também a degradação microbiológica do herbicida tebuthiuron. Corroborando a possibilidade de emprego da fitorremediação em solos rizosféricos de *K. scoparia*, onde a meia-vida da atrazine foi de 50 dias enquanto que em solos não vegetados, de 193 dias. Esses resultados comprovam o potencial do emprego de plantas e sua rizosfera associada como fitorremediadoras de agrotóxicos.

2- Diversidade de Microorganismos em solo rizosférico e sua influência na fitorremediação/fitoestimulação.

Vale lembrar que os herbicidas podem modificar a dinâmica da microbiota do solo, acarretando efeitos nocivos, benéficos ou mesmo nulos (FARIA et al., 2014). No entanto, a atividade dos microrganismos no solo é a principal responsável pela degradação dos herbicidas (FERREIRA, 2016). Herbicidas atuam na microbiota do solo de duas formas, primeiro, servindo de substrato para o seu crescimento e, segundo, interferindo nos microrganismos responsáveis pela degradação da molécula, por meio de sistemas enzimáticos, que transformam o agroquímico em nutriente e fonte de energia. (FERREIRA, 2016). A caracterização da diversidade microbiana nos solos tem extrema relevância, uma vez que, viabiliza o conhecimento de fontes de diversidade genética na comunidade em estudo, possibilitando entender a distribuição relativa dos microrganismos e o papel funcional dessa diversidade, permitindo identificar peculiaridades em diversidades associadas a distúrbios de práticas de manejo e o envolvimento da biodiversidade no funcionamento e na sustentabilidade de ecossistemas (LAMBAIS; DE CARVALHO; DE CAMPOS BÜLL, 2005).

Procurando verificar as alterações causadas pelo herbicida clomazone à microbiota de solo rizosférico com *Inga marginata*, assim como o potencial fitorremediador da arbórea, (CABRAL, 2012) se valeu de análises de T-RFLP e da realização de bioensaio para a detecção de resíduos do poluente no solo. O autor observou que neste solo houve um aumento considerável no número de UTO's (unidades taxonômicas operacionais) detectados para o domínio *Bacteria*, quando comparado a testemunha, representando acréscimo de 30% em média na riqueza. Além disso, nesta amostra, foi encontrado o maior número de UTO's exclusivos. Por

meio do bioensaio foi constatado que houve redução da quantidade de resíduos quando comparado às testemunhas. Foi apurado que a microbiota associada a rizosfera de *Inga marginata* difere das amostras analisadas e, portanto, podem ter contribuído para o processo de degradação do contaminante(Figura 1) (CABRAL, 2012).

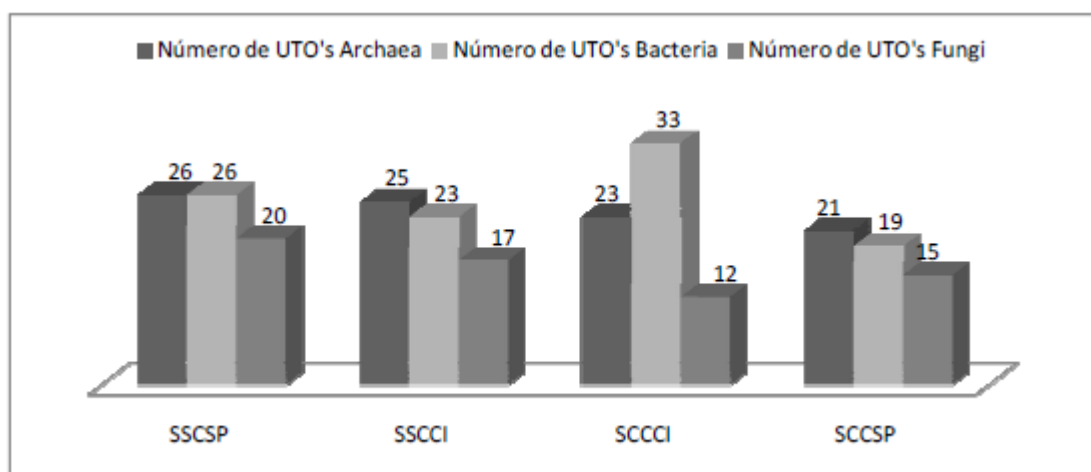


Figura 1 - Riqueza de Unidades Taxonômicas Operacionais (UTO's) detectadas com as técnicas de T-RFLP. SSCSP- solo sem clomazone e sem planta; SSCCI- solo sem clomazone e cultivado com *I.marginata*; SCCCI- solo com clomazone e cultivado com *I.marginata* e SCCSP- solo com clomazone e sem planta (CABRAL, 2012).

Nas últimas décadas, pesquisas têm dado importância às medidas da variação da diversidade de microrganismos no solo e ao seu papel na saúde e no funcionamento dos ecossistemas. Desta forma, tem se procurado confirmar que a organização e o funcionamento das comunidades microbianas governam as transformações bioquímicas que ocorrem no solo. As atividades da microbiota do solo são essenciais para a reciclagem da matéria orgânica (FARIA et al., 2017; FERREIRA, 2016; STERREN; UHRICH; BENINTENDE, 2016) Assim o conhecimento da diversidade microbiana nos solos constitui ferramenta importante para a definição de estratégias de preservação de biomassa e para o desenvolvimento de sistemas indicadores de alterações ambientais associadas a distúrbios, como a presença de poluentes ou a utilização não sustentável de solos

agrícolas (FARIA et al., 2017; FERREIRA, 2016; STERREN; UHRICH; BENINTENDE, 2016).

Neste sentido, estimativas da diversidade e da riqueza dos microrganismos presentes no ambiente são de principal importância, pois servem de conhecimento básico da função e do papel das comunidades bacterianas. Por meio de tais estimativas pode ser possível obter informações a respeito do manejo adequado do solo e sobre a adequada exploração da biodiversidade de sistemas agrícolas (ROESCH, 2007).

De forma geral, riqueza de espécies refere-se à quantidade de espécies num dado local, e se conseguirmos identificar tais espécies que compõem determinada comunidade rizosférica, poderemos relacioná-la com comunidades rizosféricas construídas em situações peculiares (como a de contaminação por herbicidas) e traçar o perfil da comunidade verificando-se a presença de espécies exclusivas que podem conferir àquele nicho a capacidade de degradação de determinadas moléculas e portanto influenciar a fitorremediação/rizodegradação. Quanto maior a riqueza da microbiota associada a rizosfera de uma planta fitorremediadora maior a possibilidade de se encontrar organismos especializados na degradação não só do poluente alvo, mas também dos subprodutos da primeira degradação, aumentando o espectro de deterioração das substâncias presentes no meio viabilizando a ciclagem de nutrientes e portanto influenciando o processo de fitorremediação/rizodegradação. Quando um herbicida é aplicado no solo, há um período de enriquecimento do meio com uma fonte de carbono. Nesta fase inicial a taxa de degradação depende do herbicida aplicado, sendo na maioria das vezes baixa. Este período parece corresponder a adaptação dos microrganismos, que produzem as enzimas importantes para degradar o novo substrato. Em seguida, a população microbiana aumenta, acelerando o processo de decomposição dos substratos (PIRES et al., 2005).

3-Marcadores moleculares e diversidade microbiana do solo, o que usar?

O avanço das metodologias de biologia molecular empregadas ao estudo do meio ambiente tem dado grande contribuição para o progresso do conhecimento em relação à diversidade microbiana (MENDES; SOUSA; JUNIOR, 2017). O

conhecimento dos recursos genéticos da microbiota dos solos pode colaborar para a descoberta de genes que codificam novas enzimas, que possuem atividade ótima em condições ambientais extremas (BARROS et al., 2019)

Anteriormente, a diversidade das comunidades de microrganismos era estudada por meio de técnicas baseadas no cultivo e isolamento, as quais exercem caráter seletivo, não abrangendo de forma representativa parte da comunidade microbiana nos solos. Avanços no campo da ecologia molecular microbiana, incluindo extração de DNA, reação de polimerase em cadeia - PCR, clonagem e sequenciamento, têm permitido o desenvolvimento de técnicas que dispensam processos de cultivo, o que reduz os problemas associados às técnicas convencionais (MENDES, 2009).

As inovações em técnicas de biologia molecular têm revelado uma ampla diversidade microbiana que não era detectada previamente com as técnicas dependentes de cultivo e identificação morfológica (BARROS et al., 2019). Adicionalmente, essas inovações têm permitido o aumento da pesquisa com menor custo e tempo, e com um montante de produção de dados maior ((MENDES, 2009)

A análise T-RFLP (*Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism*) é uma técnica usada para estudar comunidades microbianas complexas no solo com base na variação no gene 16S- rRNA (BLAUD et al., 2015) , essa técnica acopla PCR e filogenia baseada no rRNA para identificação de comunidades microbianas, incluindo organismos não cultiváveis. A análise de T-RFLP pode ser usada para examinar a comunidade microbiana, em estrutura e dinâmica, em resposta a mudanças em diferentes parâmetros ambientais ou para estudar populações bacterianas em habitats (CHAPMAN et al., 2016).

A técnica T-RFLP é independente de cultura, rápida, sensível, sendo método reprodutível. Se presta a avaliação da diversidade de comunidades complexas sem a necessidade de informação de sequência genômica (TIEDJE et al., 1999). A técnica fornece informações sobre uma coleção de microorganismos que podem estar presentes em uma determinada amostra. Ela determina o polimorfismo no comprimento dos fragmentos terminais de uma reação de restrição, derivados de um produto de amplificação de PCR, sendo um dos *primers* marcado com fluorescência (TIEDJE et al., 1999). Trata-se de método muito sensível a mudanças nas estruturas de comunidades microbianas do solo, além de possuir grande capacidade de

processamento disponível, permitindo a análise de uma grande quantidade de amostras (TIEDJE et al., 1999).

O alto rendimento, é uma das principais vantagens desta técnica pois mesmo no complexo T-RFLP os dados dos perfis podem ser quantificados de forma satisfatória por sistemas de eletroforese, tornando-os acessíveis para análises por vários métodos estatísticos, como índices de similaridade, algoritmos hierárquicos de agrupamento e métodos de ordenação (CAFFARO-FILHO; FANTINATTI-GARBOGGINI; DURRANT, 2007). Cabral (2012), se valeu de dados obtidos em análise de T-RFLP para a comparação de solo rizosférico cultivado com a espécie arbórea *Inga marginata* na presença e ausência do herbicida clomazone para cálculo da Riqueza, Índice de *Pielou* além de Análise dos Componentes Principais (PCA), neste estudo foi verificado que a microbiota associada a rizosfera de *I. marginata* diferiu das amostras analisadas e, portanto, podem ter contribuído para o processo de degradação do contaminante. Embora em análises qualitativas dos perfis de T-RFLP apenas leva-se em consideração a presença / ausência de fragmentos, análises quantitativas podem ser viabilizadas considerando a altura do pico como uma medida de abundância(CAFFARO-FILHO; FANTINATTI-GARBOGGINI; DURRANT, 2007), permitindo a comparação entre diferentes comunidades de microrganismos oriundos de diferentes ambientes (MENDES; SOUSA; JUNIOR, 2017). Este método de avaliação foi empregado para caracterizar as comunidades microbianas em diferentes ambientes, como solos de floresta, solos poluídos, sedimentos, estruturas de plantas, trato digestivo de minhocas, entre outros (BLAUD et al., 2015; CHAPMAN et al., 2016; LYNCH et al., 2012). A técnica pode ser empregada como um screening rápido de algum gene, para a procura de diferenças entre comunidades em amostras ambientais(MENDES, 2009).

Outros métodos vêm sendo utilizados para análise da diversidade microbiana e compreendem: Single strand conformational polymorphism (polimorfismo conformacional de fita única)(VITAL-LÓPEZ et al., 2017), Real-time - PCR (PCR em tempo real), microarrays (microarranjos) e “gene libraries” (bibliotecas genômicas). As bibliotecas genômicas são uma coleção de fragmentos de DNA (obtidos por fragmentação do genoma completo) clonados e que, em conjunto, representam o genoma completo de um dado organismo, permitindo o estudo de genes individuais. A técnica de microarranjos de DNA (DNA microarrays) pode ser usada para avaliar o

genoma completo de um único organismo, tanto para a expressão gênica, como para a descoberta de novos genes. Esta técnica também vem sendo empregada para identificação da função ecológica e afiliação genética de comunidades microbianas(“MoreiraSiqueira2006 Microbiologia d solo.pdf”, [s.d.]

Outro método de caracterização de comunidades microbianas que se vale de técnicas moleculares é a RISA – rRNA Intergenic Spacer Analysis, esse exame constitui técnica simples e segura onde o objeto de estudo é o espaço intergênico, a qual procura a variabilidade do comprimento do espaço intergênico entre subunidades do gene rRNA no operon *rrn*. Uma metodologia, foi desenvolvida para aperfeiçoar a resolução e a análise dos dados, proporcionando resultados mais robustos, essa metodologia foi denominada ARISA (RANJARD et al., 2001).

ARISA e T-RFLP são técnicas similares, fundamentadas na marcação terminal de um fragmento de amplificação usando *primers* marcados com fluorescência, sendo então avaliados diretamente em um sequenciador automático para determinar o tamanho do fragmento em pares de bases (RANJARD et al., 2001).

No T-RFLP, os fragmentos amplificados são primeiramente submetidos a uma reação de restrição e então somente o fragmento terminal é analisado no seqüenciador, etapa que não é necessária no ARISA, pois a região amplificada nesta técnica já apresenta polimorfismos no seu comprimento (KLAMER, 2002). A análise de ARISA é baseada na amplificação da região intergênica entre 16S e 23S para bactérias e na região do DNA ribossomal que contém os dois espaços intergênicos transcritos (ITS) e o gene 5,8S rRNA (ITS1-5,8S-ITS2) no caso de fungos, regiões que são caracterizadas por uma significativa variabilidade no comprimento e seqüência de nucleotídeos entre diferentes genótipos microbianos (DANOVARO et al., 2006). Contudo, informações disponíveis sobre as seqüências ITS1 bacterianas na base de dados do GenBank são ainda limitadas, considerando que a análise T-RFLP permite uma comparação com uma grande base de dados (Projeto de Banco de Dados Ribossomal), que pode fornecer referências para a identificação de táxons bacterianos ao nível de gênero ou espécie(DANOVARO et al., 2006)

Muitos estudos, envolvendo a diversidade de microrganismos e sua importância em solos, vêm sendo realizados, porém sua presença e função ainda

são pouco conhecidas. Faz-se necessário a descrição e a distribuição da diversidade microbiana nesses ambientes o que nos permitirá um maior entendimento das interações desses organismos com o ecossistema.

Considerações Finais

A relação solo/planta é de suma importância, quando tratamos de qualidade do solo os exsudados produzidos beneficiam os microrganismos e conseqüentemente viabiliza a degradação de xenobióticos no solo. A ciência da diversidade associada a rizosfera nos possibilita a inferência acerca de fontes de diversidade genética na comunidade em estudo, permitindo entender a distribuição relativa dos microrganismos, o papel funcional dessa diversidade, e o seu envolvimento no funcionamento e na sustentabilidade de ecossistemas.

Bibliografia

BARROS, V. D. C. et al. Biodiversidade rizobiana em função de solo e clima no semiárido pernambucano. **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, v. 24, n. 1, 25 fev. 2019.

BLAUD, A. et al. Analysing the effect of soil organic matter on bacterial communities using T-RFLP fingerprinting: different methods, different stories? **Biology and Fertility of Soils**, v. 51, n. 8, p. 959–971, 1 nov. 2015.

CABRAL, C. M. Fitorremediação por espécies arbóreas de solo contaminado com herbicida clomazone: efeito na morfologia, anatomia e rizosfera. 2012.

CAFFARO-FILHO, R. A.; FANTINATTI-GARBOGGINI, F.; DURRANT, L. R. Quantitative analysis of Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) microbial community profiles: peak height data showed to be more reproducible than peak area. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 38, n. 4, p. 736–738, 2007.

CHAPMAN, P. A. et al. Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism for the Identification of Spirorchiid Ova in Tissues from the Green Sea Turtle, *Chelonia mydas*. **PLOS ONE**, v. 11, n. 8, p. e0162114, 31 ago. 2016.

DANOVARO, R. et al. Comparison of Two Fingerprinting Techniques, Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism and Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis, for Determination of Bacterial Diversity in Aquatic Environments. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 72, n. 9, p. 5982–5989, set. 2006.

DE LIMA SOUZA, H. M. et al. Filamentous Fungi Isolates of Contaminated Sediment in the Amazon Region with the Potential for Benzo(a)pyrene Degradation. **Water, Air, & Soil Pollution**, v. 227, n. 12, p. 431, 4 nov. 2016.

FARIA, A. B. DE C. et al. Uso de ectomicorrizas na biorremediação florestal. 10 maio 2017.

FARIA, A. T. et al. Efeitos de herbicidas na atividade da microbiota rizosférica e no crescimento da cana-de-açúcar. **Bioscience Journal**, v. 30, 17 jul. 2014.

FERREIRA, P. S. H. [UNESP. Seletividade dos herbicidas amicarbazone e sulfentrazone para cana soca seca, utilizando-se testemunhas pareadas, e ação na microbiota do solo. 22 jul. 2016.

FIORE, R. DE A. et al. Growth and Nutritional Analysis of Tree Species In Contaminated Substrate by Leachable Herbicides. **Revista Árvore**, v. 40, n. 4, p. 585–594, ago. 2016.

FRANCESCHI, M. et al. Lixiviação do Herbicida 2,4-D + Picloram em Latossolo Vermelho amarelo Distrófico. **Enciclopédia Biosfera**, v. 11, n. 22, p. 2151–2161, 8 dez. 2015.

GONÇALVES, A. L.; SAKAMOTO, M. M. POTENCIAL DE FITORREMEDIAÇÃO DE *Echinodorus grandiflorus*, *Typha domingensis*, *Hedychium coronarium* e *Equisetum giganteum*. **Revista Científica da FEPI**, v. 0, n. 0, 31 jul. 2014.

GUERRA, N. Potencial de Lixiviação de Herbicidas Utilizados na Cultura da Cana-de-Açúcar. v. 11, n. 1, p. 13, 2016.

LAMBAIS, M. R.; DE CARVALHO, J.; DE CAMPOS BÜLL, R. Diversidade Microbiana nos Solos: novos paradigmas. 2005.

LYNCH, H. B. et al. Introduced Canopy Tree Species Effect on the Soil Microbial Community in a Montane Tropical Forest. **Pacific Science**, v. 66, n. 2, p. 141–150, abr. 2012.

MACHADO, S. DE O. et al. Atividade Rizosférica de Espécies Vegetais Fitorremediadoras de Solo Contaminado com os Herbicidas Imazetapir e Imazapique. 2011.

MENDES, I. DE C.; SOUSA, D. M. G. DE; JUNIOR, F. B. DOS R. Bioindicadores de Qualidade de Solo: dos Laboratórios de Pesquisa para o Campo. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 32, n. 1/2, p. 191–209, 8 fev. 2017.

MENDES, L. W. **Análise molecular das estruturas e diversidade de comunidades microbianas em solo de manguezal preservado da Ilha do Cardoso-SP**. [s.l.] Universidade de São Paulo, 2009.

MÜLLER SOUTO, K. et al. Biodegradação dos herbicidas imazetapir e imazapique em solo rizosférico de seis espécies vegetais. **Ciência Rural**, v. 43, n. 10, 2013.

NUNES, A. L.; VIDAL, R. A. Lixiviação do herbicida imazaquin associado ao paraquat ou glyphosate em plantio direto. **Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata**, v. 116, n. 1, p. 63-67–67, 7 ago. 2017.

PEREIRA, A. R. B.; DE FREITAS, D. A. F. Uso de micro-organismos para a biorremediação de ambientes impactados. **Electronic Journal of Management, Education and Environmental Technology (REGET)**, v. 6, n. 6, p. 995–1006, 2012.

PEREIRA, A. R. B.; FREITAS, D. A. F. DE. USO DE MICRO-ORGANISMOS PARA A BIORREMEDIAÇÃO DE AMBIENTES IMPACTADOS. **Electronic Journal of Management, Education and Environmental Technology (REGET)**, v. 6, n. 6, p. 995–1006, 12 mar. 2012.

PIRES, F. R. et al. Rhizospheric activity of potentially phytoreme-diative species for tebutiuron-contaminated soil. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 29, n. 4, p. 627–634, jul. 2005.

RODRIGUES, P. T. A.; ORLANDELLI, R. C. Plantas como Ferramentas para a Remediação Ambiental: uma Revisão da Literatura. **UNICIÊNCIAS**, v. 22, n. 1, p. 38, 6 set. 2018.

ROESCH, L. F. W. Diversidade de bactérias diazotróficas associadas a plantas de milho cultivadas no estado do Rio Grande do Sul. 2007.

SINGH, B.; SINGH, K. Microbial degradation of herbicides. **Critical Reviews in Microbiology**, v. 42, n. 2, p. 245–261, 3 mar. 2016.

STERREN, M. A.; UHRICH, W.; BENINTENDE, S. Residualidad de glifosato en suelos de Entre Ríos y su efecto sobre los microorganismos del suelo. **Ecología Austral**, v. 26, n. 3, p. 246–255, 6 dez. 2016.

TIEDJE, J. M. et al. Opening the black box of soil microbial diversity. **Applied Soil Ecology**, v. 13, n. 2, p. 109–122, 1 out. 1999.

TONINI, R. M. C. W.; REZENDE, C. E.; Grativol, A. D. Degradação E Biorremediação de Compostos do Petróleo por Bactérias: Revisão. **Oecologia Australis**, v. 14, n. 04, p. 1010–1020, dez. 2010.

VASCONCELLOS, M. C.; PAGLIUSO, D.; SOTOMAIOR, V. S. Fitorremediação: Uma proposta de descontaminação do solo. **Estudos de Biologia**, v. 34, n. 421, p. 261, 2012.

VITAL-LÓPEZ, L. et al. Bacterial diversity in the rhizosphere of a transgenic versus a conventional maize (*Zea mays*). **Phyton, International Journal of Experimental Botany**, v. 85, n. 0, p. 210-217–217, 18 set. 2017.

Processo de Avaliação por Pares: (*Blind Review* - Análise do Texto Anônimo)

Publicado na Revista Vozes dos Vales - www.ufvjm.edu.br/vozes em: 10/2019

Revista Científica Vozes dos Vales - UFVJM - Minas Gerais - Brasil

www.ufvjm.edu.br/vozes

www.facebook.com/revistavozesdosvales

UFVJM: 120.2.095-2011 - QUALIS/CAPES - LATINDEX: 22524 - ISSN: 2238-6424

Periódico Científico Eletrônico divulgado nos programas brasileiros *Stricto Sensu*

(Mestrados e Doutorados) e em universidades de 38 países,

em diversas áreas do conhecimento.