



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO

NAIZE MARCIELLE DE ARAUJO AZEVEDO ALMEIDA

**EFEITOS DO FOGO SOBRE AS COMUNIDADES PROCARIÓTICAS DO SOLO
NA CHAPADA DIAMANTINA, BAHIA, BRASIL**

FEIRA DE SANTANA, BAHIA
2025

NAIZE MARCIELLE DE ARAUJO AZEVEDO ALMEIDA

**EFEITOS DO FOGO SOBRE AS COMUNIDADES PROCARIÓTICAS DO SOLO
NA CHAPADA DIAMANTINA, BAHIA, BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, Universidade Estadual de Feira de Santana, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ecologia e Evolução.

ORIENTADORA: DRA. CAROLINA OLIVEIRA DE SANTANA
CO-ORIENTADOR: DR. EDDY JOSÉ FRANCISCO DE OLIVEIRA

FEIRA DE SANTANA, BAHIA
2025

Ficha Catalográfica – Biblioteca Central Julieta Carteado - UEFS

Almeida, Naize Marcielle de Araujo Azevedo

A449e Efeitos do fogo sobre as comunidades procarióticas do solo na Chapada Diamantina, Bahia, Brasil / Naize Marcielle de Araujo Azevedo Almeida. – 2025.

70 f.: il.

Orientadora: Carolina Oliveira de Santana

Coorientador: Eddy José Francisco de Oliveira

Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual de Feira de Santana, Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, Feira de Santana, 2025.

1. Solo - Composição. 2. Biodiversidade. 3. Incêndios florestais. 4. Fogo - Impactos ambientais. 5. Parque Nacional da Chapada Diamantina, BA.
- I. Santana, Carolina Oliveira de, orient. II. Oliveira, Eddy José Francisco de, coorient. III. Universidade Estadual de Feira de Santana. IV. Título.

CDU 631.42(814.22)

NAIZE MARCIELLE DE ARAUJO AZEVEDO ALMEIDA

**EFEITOS DO FOGO SOBRE AS COMUNIDADES PROCARIÓTICAS DO SOLO
NA CHAPADA DIAMANTINA, BAHIA, BRASIL**

Aprovada em: 08 / 10 / 2025

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente

gov.br MARCUS VINICIUS SILVA SANTOS
Data: 24/10/2025 14:33:10-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Marcus Vinicius Silva Santos
IFBA
(Examinador)

Documento assinado digitalmente

gov.br TAIMY CANTILLO PEREZ
Data: 24/10/2025 15:29:53-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Taimy Cantillo-Pérez
UEFS
(Examinador)

Documento assinado digitalmente

gov.br CAROLINA OLIVEIRA DE SANTANA
Data: 24/10/2025 14:19:06-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr(a). Carolina Oliveira de Santana
UEFS
(Orientador)

Feira de Santana, Bahia
Outubro / 2025

Dedico este trabalho a Deus em primeiro lugar, a minha pequena Marina, aos meus familiares, professores e amigos que me apoiaram verdadeiramente durante esta caminhada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pois, sem a capacitação e a sustentação concedidas a mim, este estudo não teria sido possível. Toda honra e toda glória sejam dadas a Ele!

Este trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. Agradeço especialmente à CAPES pela concessão da bolsa de mestrado, que me possibilitou dedicação exclusiva a esta pesquisa.

Minha gratidão profunda à minha orientadora, Carolina, que em nenhum momento duvidou da conclusão desta pesquisa com êxito. Nos momentos em que me desesperei e compartilhei minhas dúvidas, ela sempre me acolheu com serenidade, transmitindo confiança e me mostrando que eu era capaz de seguir. Muito obrigada! Você é uma inspiração.

Ao professor Eddy, agradeço pelas ideias, pelas conversas e pelo acolhimento, que foram fundamentais para que eu chegasse até aqui. Sem a oportunidade do estágio que o senhor me concedeu, talvez esta etapa tão importante da minha trajetória acadêmica não tivesse sido possível.

Registro também meu agradecimento a todos os colegas do laboratório LAMASP, em especial Aline, Mattheus e Lucas, pela companhia e momentos de descontração.

Aos professores do Programa PPGEcoEvol, agradeço pelos valiosos ensinamentos e contribuições para o desenvolvimento desta pesquisa. Um agradecimento especial ao professor Elmo Koch, cujas aulas de RStudio foram essenciais para que as análises pudessem ser conduzidas com maior segurança e clareza, e que também contribuiu diretamente na coleta. A sua ajuda, a da profa Carolina, a do prof Eddy e do pessoal do ICMBio durante a coleta, foi essencial para a realização deste trabalho e para a obtenção dos resultados.

Ao ICMBio, pelo apoio desde o primeiro contato, pela prontidão em fornecer todas as informações solicitadas, pela companhia em campo e participação direta na coleta, enfim, por todo o suporte essencial ao desenvolvimento desta pesquisa.

Às minhas meninas da turma 2023.1 do PPGEcoEvol, Maura, Kelly e Beatriz, agradeço pela amizade e companheirismo, que mesmo à distância mantivemos sempre presente o carinho e o apoio mútuo. Vocês são incríveis!

À minha pequena Marina, que chegou no momento certo para me mostrar que a maternidade, apesar de seus desafios, não seria um obstáculo, mas sim uma fonte de força e motivação para buscar o conhecimento. Obrigada por me inspirar a querer ser sempre melhor.

Ao meu marido, Moacir, pela compreensão, dedicação e parceria. Obrigada por me apoiar incondicionalmente e por compreender os momentos em que precisei me dedicar exclusivamente a esta pesquisa.

À minha rede de apoio, minha irmã Laize, que cuidou com tanto carinho da Marina e esteve sempre pronta a me ajudar, abrindo mão de noites de sono para que eu pudesse estudar e concluir esta etapa. Muito obrigada, te amo! Estendo também minha gratidão à minha cunhada Eliete, que igualmente fez parte desta rede de apoio tão fundamental.

À minha mãe, Norbelucia, por sempre acreditar em mim, aplaudir minhas conquistas e vibrar com cada etapa alcançada, ainda que muitas vezes sem compreender exatamente do que se tratava. Aos meus familiares, pela torcida constante e presença em todos os momentos.

Não poderia deixar de agradecer ao meu irmão Maiko (in memoriam), que sempre acreditou em mim. Tenho certeza de que, se estivesse aqui, estaria imensamente orgulhoso, como sempre dizia: “A galinha dos ovos de ouro”. Obrigada pelas risadas, pelas discussões e pelo amor que sempre demonstrou. Ao meu pai, Marcos (in memoriam), pela torcida e pelo orgulho que sei que também sentia das minhas conquistas, mesmo à distância.

Por fim, agradeço a todos que, de perto ou de longe, estiveram presentes nesses dois anos, torcendo pela conclusão do mestrado.

Resumo

As queimadas, sejam naturais ou antrópicas, constituem ameaças à biodiversidade, incluindo a dos microrganismos, que desempenham funções essenciais, como a fixação de nitrogênio em formas aproveitáveis e a regulação do dióxido de carbono, ambos fundamentais para a manutenção do solo. A ação do fogo pode reduzir significativamente a riqueza microbiana, dificultando processos como a disponibilização de nutrientes para as plantas. Neste estudo, hipotetizamos que áreas com incidência de queimadas no curto espaço de tempo apresentam menor diversidade microbiana em comparação com áreas não afetadas pelo fogo. Assim, o objetivo desta pesquisa foi analisar como as queimadas influenciam a diversidade de microrganismos do solo na região da Chapada Diamantina-BA. Para isso, a pesquisa foi conduzida na região dos Gerais do rio Preto, Chapada Diamantina, Bahia, onde o número de incêndios tem aumentado nos últimos anos. O ICMBio realiza, na Unidade de Conservação do Parque Nacional da Chapada Diamantina (PNCD), eventos de queimas controladas, conhecidos como aceiros negros, com o objetivo de reduzir a biomassa disponível e, consequentemente, mitigar a propagação do fogo. As coletas de solo foram realizadas em áreas submetidas ao aceiro negro nos anos de 2022 e 2023, permitindo uma avaliação baseada em cronomsequência. Foram coletadas amostras em duas camadas de profundidade (0–15 cm e 15–30 cm), além de amostras controle, sendo todas obtidas em triplicata. A extração e o sequenciamento do DNA do solo foram realizados por meio da técnica de Amplicon, utilizando o marcador genético 16S rRNA. A análise da composição microbiana revelou uma diversidade significativa de filos procarióticos, indicando um ecossistema microbiano funcionalmente diverso e dinâmico. Dentre os grupos identificados, a análise revelou predominância dos filos Acidobacteria, Actinobacteria e Proteobacteria nos diferentes ambientes estudados, independentemente do histórico de fogo. Por outro lado, Rhizobiales, Ktedonobacterales e Solibacterales foram mais frequentes nos solos de áreas não queimadas, sugerindo menor tolerância a perturbações causadas por altas temperaturas. A queima resultou em diminuição da riqueza microbiana, sobretudo nas camadas superficiais do solo, sem, no entanto, alterar de forma relevante a diversidade medida pelos índices de Shannon e Simpson. Nos solos não queimados, a profundidade influenciou significativamente a composição das comunidades, efeito que praticamente desapareceu após a perturbação. No conjunto, os resultados reforçam que o fogo atua como um agente seletivo, favorecendo microrganismos tolerantes e promovendo mudanças estruturais na comunidade, ao mesmo tempo em que evidenciam táxons-chave que podem auxiliar no monitoramento e manejo adaptativo de ecossistemas propensos a queimadas.

Palavras-chaves: ação do fogo; amplicon; microrganismo; riqueza de espécie.

Abstract

Wildfires, whether natural or anthropogenic, constitute threats to biodiversity, including that of microorganisms, which perform essential functions such as nitrogen fixation into usable forms and the regulation of carbon dioxide, both fundamental for soil maintenance. The action of fire can significantly reduce microbial richness, hindering processes such as the availability of nutrients for plants. In this study, we hypothesized that areas with wildfire incidence in the short term present lower microbial diversity compared to areas not affected by fire. Thus, the objective of this research was to analyze how wildfires influence the diversity of soil microorganisms in the region of Chapada Diamantina-BA. For this, the research was conducted in the Gerais do Rio Preto region, Chapada Diamantina, Bahia, where the number of fires has increased in recent years. ICMBio carries out, in the Conservation Unit of Chapada Diamantina National Park (PNCD), controlled burn events, known as 'aceiros negros' (black firebreaks), with the objective of reducing available biomass and, consequently, mitigating the spread of fire. Soil collections were carried out in areas subjected to the black firebreak in the years 2022 and 2023, allowing an evaluation based on chronosequence. Samples were collected at two depth layers (0–15 cm and 15–30 cm), in addition to control samples, all obtained in triplicate. The extraction and sequencing of soil DNA were carried out through the Amplicon technique, using the 16S rRNA genetic marker. The analysis of microbial composition revealed a significant diversity of prokaryotic phyla, indicating a functionally diverse and dynamic microbial ecosystem. Among the identified groups, the analysis revealed predominance of the phyla Acidobacteria, Actinobacteria, and Proteobacteria in the different environments studied, regardless of the fire history. On the other hand, Rhizobiales, Ktedonobacterales, and Solibacterales were more frequent in soils from unburned areas, suggesting lower tolerance to disturbances caused by high temperatures. Burning resulted in a decrease in microbial richness, especially in the superficial soil layers, without, however, significantly altering diversity as measured by Shannon and Simpson indices. In unburned soils, depth significantly influenced community composition, an effect that practically disappeared after disturbance. Altogether, the results reinforce that fire acts as a selective agent, favoring tolerant microorganisms and promoting structural changes in the community, while at the same time highlighting key taxa that may assist in monitoring and adaptive management of fire-prone ecosystems.

Keywords: fire activity; amplicon; microorganisms; species richness.

LISTA DE FIGURAS

Referencial Teórico

Figura 1: Fatores que influenciam no estabelecimento e manutenção dos microrganismos do solo.

19

Capítulo 1- Composição procariótica do solo sob influência de queimadas controladas em ecossistemas inflamáveis na Chapada Diamantina, BA.

Figura 1: Localização dos pontos de coleta de solo no distrito de Guiné, município de Mucugê (Chapada Diamantina, BA).

36

Figura 2: Fluxograma de processamento bioinformático do gene 16S rRNA no pipeline DADA2 no galaxy.

40

Figura 3: Representação da abundância dos filos presentes nas amostras.

41

Figura 4: Índices de diversidade alfa das comunidades procarióticas do solo em diferentes tratamentos (áreas de controle e fogo).

42

Figura 5: Índice de diversidade alfa (Shannon) em área controle e queimada, considerando diferentes profundidades superficiais (top) e profundas (sub).

43

Figura 6: Análise de escala multidimensional não métrica (NMDS) da variação na composição microbiana entre os grupos em diferentes profundidades. (A) locais de controle22 e controle23. (B) local de Fogo-22 com diferentes profundidades. (C) diferentes locais de aceiros (Fogo-22 e Fogo-23).

45

Figura 7: Análise de escala multidimensional não métrica (NMDS) da variação na composição microbiana. (A) Fogo-22 vs Controle22. (B) Fogo-23 vs Controle23.

46

Figura 8: Análise de abundância diferencial DESeq2 top 10 ordens.

47

Figura 9: Análise de indicadores por grupos (IndVal).

48

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

PNCD - Parque Nacional da Chapada Diamantina

Parna -Parque Nacional

BA - Bahia

DNA -Ácido Desoxirribonucleico

MIF - Manejo Integrado do Fogo

UC - Unidade de Conservação

ICMBio - Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade

qPCR - Reação em Cadeia da Polimerase quantitativa

PCR - Reação em Cadeia da Polimerase

eDNA - DNA ambiental

ITS - Espaçador Interno Transcrito

rRNA - Ácido Ribonucléico

Ribossômico CNR - Controle Negativo

de Reação CNE - Controle Negativo de

Extração

ASVs - Variante de Sequência de Amplicon

NMDS - Escalonamento Multidimensional não-métrico

PERMANOVA - Análise Multivariada de Variância Permutacional

DESeq2 - Análises de Abundância Diferencial

IndVal - Análise de Valor Indicativo

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	13
REFERENCIAL TEÓRICO.....	15
1. Fogo como um processo natural e uma ameaça.....	15
1.2 Parque Nacional da Chapada Diamantina.....	17
2. Estabelecimento dos microrganismos no ambiente.....	18
3. Potencial da Metagenômica e Genômica ambiental.....	19
REFERÊNCIAS DA INTRODUÇÃO GERAL E REFERENCIAL TEÓRICO.....	22
Capítulo 1- Composição procariótica do solo sob influência de queimadas controladas em ecossistemas inflamáveis na Chapada Diamantina, BA.....	29
Resumo.....	29
Abstract.....	30
INTRODUÇÃO.....	31
MATERIAIS E MÉTODOS.....	34
1. Área de estudo.....	34
2. Amostragem.....	35
3. Extração e sequenciamento do DNA.....	36
4. Análise e visualização dos dados.....	37
RESULTADOS.....	40
DISCUSSÃO.....	50
1. Impacto do fogo na composição taxonômica do solo, predominância e papel ecológico dos filos dominantes em solos queimados.....	50
2. Alterações na diversidade microbiana (Alfa diversidade).....	52
2.1 Efeitos da profundidade sobre a diversidade.....	53
2.2 Recuperação microbiana em função do tempo e do fogo.....	54
3. Estrutura das comunidades microbianas.....	55
3.1 Variabilidades entre locais queimados (Fogo-22 vs Fogo-23).....	56
4. Detecção de bioindicadores de ambientes perturbados.....	57
4.2 Grupos sensíveis ao fogo.....	58
CONCLUSÃO.....	60
REFERÊNCIAS.....	63
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	70

INFORMAÇÕES SOBRE A DISSERTAÇÃO

Esta dissertação está estruturada conforme o disposto pelo Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução da Universidade Estadual de Feira de Santana. Sua estrutura inclui uma introdução geral, um referencial teórico, que contém discussões sobre a temática proposta, e um capítulo único, cujo título é: Composição procariótica do solo sob influência de queimadas controladas em ecossistemas inflamáveis na Chapada Diamantina, BA. Esse capítulo será submetido a revista acadêmica, Microbial Ecology.

INTRODUÇÃO GERAL

Ao longo das últimas décadas, incêndios florestais deixaram de ser eventos pontuais para se tornarem uma preocupação recorrente em várias regiões do planeta. Esses episódios, capazes de remodelar paisagens inteiras, afetam de maneira abrangente a biodiversidade, atingindo desde plantas e animais até comunidades microbianas do solo (Barros, 2016; Leite et al., 2013). Embora fenômenos naturais possam desencadear queimadas, a realidade é que, na maioria dos casos, sua origem está associada à ação humana, seja por estratégias de manejo agropecuário ou pelo uso inadequado e não controlado do fogo (Martins et al., 2016; Di Bella et al., 2006).

O comportamento do fogo em um ecossistema está fortemente relacionado à quantidade de material combustível acumulado, isto é, à biomassa disponível, bem como ao regime de fogo característico de cada ambiente (Bahia, 2023; Dodonov et al., 2014). Em ambientes florestais, como os do Brasil, o fogo exerce papel duplo: pode provocar severos distúrbios ecológicos, mas também participarativamente da modelagem da paisagem e das dinâmicas populacionais, inclusive de microrganismos (Balch et al., 2013; Pivello et al., 2021).

Um exemplo representativo desse cenário é o Parque Nacional da Chapada Diamantina (PNCD), localizado no estado da Bahia. Criado em 1985, o parque engloba áreas de Caatinga e Cerrado, biomas suscetíveis à propagação do fogo (Leite et al. 2017; Benfica et al., 2021). Nos últimos anos, a frequência e a extensão das queimadas na região aumentaram de forma significativa, impulsionadas tanto por causas naturais quanto por ações humanas, com maior incidência entre os meses de setembro e dezembro (Santos et al., 2020; Oliveira, 2013). Em resposta ao risco crescente, iniciativas como a queima controlada, que está previstas no Plano Nacional de Manejo Integrado do Fogo, vêm sendo aplicadas para evitar incêndios de grandes proporções(Brasil, 2024; Rafie et al., 2024). Entretanto, pouco se sabe sobre como esses distúrbios, mesmo quando manejados, afetam a biodiversidade microbiana dos solos (Dove et al., 2022).

Os microrganismos, incluindo bactérias, fungos e protozoários, constituem um dos pilares da funcionalidade dos ecossistemas terrestres. Eles participam de processos como decomposição da matéria orgânica, reciclagem de nutrientes e

fixação biológica de nitrogênio (Tortora, 2017; Heijden et al., 2008). No solo, tais organismos mantêm intensa interação com a vegetação, influenciando diretamente a regeneração pós-distúrbio (Nizamani et al., 2024; Bonadiman, 2015). A composição microbiana e sua abundância variam de acordo com fatores como as características físico-químicas do solo, teor de umidade, temperatura, pH e presença de serapilheira (Pereira, 2024; Waldrop et al., 2017). Incêndios de elevada intensidade, por exemplo, podem provocar drástica redução da biomassa microbiana, comprometendo ciclos biogeoquímicos essenciais. Já queimadas menos severas podem, em alguns casos, favorecer grupos específicos por meio da mineralização rápida da matéria orgânica (Agbeshie et al., 2022 ; Barreiro et al., 2021)

O avanço das técnicas de metagenômica tem ampliado consideravelmente as possibilidades de investigação sobre a diversidade e as funções da microbiota do solo. Essa metodologia, baseada na análise direta do DNA extraído de amostras ambientais, supera limitações impostas por métodos tradicionais dependentes do cultivo de microorganismos (Liu et al., 2021; González et al., 2019). Quando aplicada a áreas afetadas por incêndios, a metagenômica permite identificar modificações na estrutura das comunidades microbianas, oferecendo informações valiosas para orientar estratégias de manejo e recuperação ambiental (Beng et al., 2020). Assim, integrar o uso dessas ferramentas à pesquisa na Chapada Diamantina é fundamental para compreender os efeitos do fogo sobre a microbiota do solo e promover ações eficazes de conservação.

Diante da lacuna no conhecimento sobre os efeitos do regime de fogo nas comunidades microbianas do solo da Chapada Diamantina, o presente estudo tem como objetivo avaliar os impactos das queimadas controladas sobre a microbiota do solo, bem como analisar a recuperação da diversidade microbiana na região da Chapada Diamantina, Bahia.

REFERENCIAL TEÓRICO

1. Fogo como um processo natural e uma ameaça

1.1 Incêndios florestais e ecossistemas inflamáveis

Nos últimos anos, os incêndios florestais têm ocorrido com crescente frequência em diversas partes do mundo (Torres et al., 2017; Barros, 2016; Leite et al., 2013). Um dos principais fatores que contribuem para o aumento desses incêndios é o aquecimento global, que tem se intensificado de forma repentina (Bahia, 2023; Cervantes, 2023; Leite et al., 2013). Os incêndios podem ter origens naturais, mas, em muitos casos, são causados pela ação humana, como no uso do fogo para pastagem, agricultura, entre outros (Martins et al., 2016; Torres et al., 2017; White et al., 2017). Esse tipo de queimada, muitas vezes descontrolada, resulta na destruição de vastas áreas de vegetação, impactando diretamente a biodiversidade local (Berlinck et al., 2021; Patrocínio, 2022; Bahia, 2023; Diniz, 2022; Santana, 2022).

A caracterização dos incêndios é regulada pelo conceito de "regime do fogo", que avalia a intensidade, a frequência, o tipo e a gravidade do fogo. A ocorrência de incêndios em ambientes florestais está geralmente relacionada ao acúmulo de biomassa, que funciona como combustível para a propagação e sustentação das chamas (Bahia, 2023; Berlinck et al., 2021; Liesenfeld et al., 2017). Para entender melhor os danos causados à biodiversidade pelos incêndios, é importante considerar os diferentes tipos de fogo: o fogo de copa, que afeta a parte superior das árvores; o fogo de superfície, que incide sobre a vegetação rasteira; e o fogo subterrâneo.

O fogo de superfície atinge principalmente a vegetação rasteira e a serapilheira, com impactos significativos sobre as comunidades microbianas, uma vez que afeta a biomassa que serve como fonte de energia para esses microrganismos durante a decomposição. Já o fogo subterrâneo, que pode alcançar profundidade de até 30 cm, afeta diretamente os microrganismos presentes nas camadas mais profundas do solo. Esse tipo de fogo atua como um agente seletivo sobre as comunidades microbianas, visto que muitos microrganismos não suportam altas temperaturas (Liesenfeld et al., 2017).

Os incêndios representam uma importância significativa para a biodiversidade florística e faunística, pois o fogo atua como um agente modelador do ambiente, provocando perturbações ecológicas que podem ser benéficas ou prejudiciais, dependendo do ecossistema afetado (Balch et al., 2013; Bahia, 2023; Berlinck et al., 2021; Diniz, 2022; Santana, 2022; Pezenti, 2024). A intensidade e a recorrência do fogo podem gerar modificações adaptativas na biodiversidade, incluindo nas comunidades microbianas, ao longo do tempo (Cordeiro Ramalho et al., 2024; Tebaldi et al., 2013). Embora o fogo possa ter consequências negativas para a biodiversidade, muitas pesquisas indicam que, em alguns biomas, como o Cerrado, sua presença ao longo dos anos resultou em mudanças adaptativas na vegetação, destacando a relação ecológica entre o fogo e o ecossistema (Valentim, 2024; Cordeiro Ramalho et al., 2024; White et al., 2017).

No contexto do fogo como um modelador da biodiversidade, a implementação de técnicas de controle do fogo visa reduzir a biomassa disponível na serapilheira, que serve como combustível, impulsionando a propagação do fogo. Essas técnicas, conhecidas como queima controlada e queima prescrita, ou aceiros negros, são regulamentadas pela Lei Nº 14.944, que estabelece a Política Nacional de Manejo Integrado do Fogo (MIF). O objetivo dessas práticas é reduzir o material combustível, prevenir grandes incêndios, preservar a biodiversidade e aumentar a capacidade de enfrentamento ao fogo. A queima controlada e a queima prescrita devem ser realizadas por profissionais qualificados, que avaliam as áreas com maior risco de acumulação de material combustível e determinam o período adequado para a execução dessas queimas (Brasil, 2024; Barradas et al., 2020; Oliveira et al., 2022).

A Política Nacional de Manejo Integrado do Fogo também visa substituir o uso do fogo em atividades agropastoris, embora ainda permita sua utilização, desde que autorizada pelos órgãos competentes e supervisionada por profissionais capacitados, a fim de evitar incêndios descontrolados (Brasil, 2024). Nesse contexto, a prática de queima controlada e queima prescrita pode trazer benefícios para alguns ecossistemas. Estudos apontam que, após a passagem do fogo de baixa intensidade, certos habitats são favorecidos, e a biodiversidade pode ser reestruturada, especialmente as comunidades microbianas, devido à mineralização da matéria orgânica do solo causada pelas altas temperaturas, o que aumenta a disponibilidade de nutrientes (Berlinck et al., 2021; Diniz, 2022).

1.2 Parque Nacional da Chapada Diamantina

O Parque Nacional da Chapada Diamantina (PNCD) foi criado em 17 de setembro de 1985 por meio do Decreto Federal 91.655. Localizado no estado da Bahia, o PNCD é uma Unidade de Conservação (UC) de extrema relevância nacional e internacional, devido à sua elevada biodiversidade (Bispo et al., 2022; Jesus et al., 2021).

Nos últimos anos, a região tem sido frequentemente impactada por queimadas, tanto naturais quanto antrópicas. Esses eventos ocorrem ao longo de todo o ano, com maior incidência entre os meses de setembro e dezembro, representando uma ameaça significativa à biodiversidade local (Leite, 2019; Oliveira, 2019; Oliveira, 2013). O regime de fogo no PNCD é heterogêneo, com algumas áreas praticamente isentas de queimadas, enquanto outras são afetadas repetidamente (Paulino, 2015; dos Santos et al., 2017). Considerando as características estruturais da vegetação no PNCD, típicas dos campos rupestres, compostas por uma cobertura rasteira, o regime de fogo predominante tende a ser o fogo de superfície.

O parque abrange predominantemente o bioma Caatinga (Leite et al., 2017), com algumas áreas pertencentes ao Cerrado (Benfica et al., 2021), biomas caracterizados por alta suscetibilidade ao fogo. Esse fator potencializa a propagação de incêndios e amplia os desafios da gestão ambiental. Na maioria dos casos, as queimadas na Chapada Diamantina têm origem antrópica, relacionadas a práticas como renovação de pastagens, atividades turísticas e até disputas por terras (Oliveira, 2013; Batista, 2014).

Para mitigar os impactos dos incêndios, o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) implementou a técnica das queimas controladas, conhecidas como "aceiros negros". Essa metodologia consiste na aplicação de fogo em áreas específicas para reduzir a carga de biomassa e, assim, prevenir incêndios de grandes proporções. A prática é regulamentada pelo Plano Nacional de Manejo Integrado do Fogo e segue rigorosos parâmetros estabelecidos pela legislação vigente.

Estudos indicam um aumento no número de incêndios na Chapada Diamantina nos últimos anos (Silva et al., 2013; Jesus et al., 2021; Gonçalves et al., 2011; Leite, 2019; Leite et al., 2017). Esses estudos são fundamentais para embasar políticas públicas voltadas à prevenção e combate ao fogo. Desde a sua criação, o

PNCD é gerido pelo ICMBio, que conta com o apoio de brigadistas contratados e voluntários, além de parcerias com a população local e organizações não governamentais (Bispo et al., 2022).

Embora diversos estudos tenham abordado o aumento dos focos de incêndio e seus efeitos sobre a flora da Chapada Diamantina (Rocha et al., 2023; de Souza Silva, 2018; Figueira et al., 2016; Conceição et al., 2013), há uma notável lacuna no conhecimento sobre o impacto do fogo nas comunidades microbianas do PNCD. Pesquisas nesse campo são essenciais, dado que os microrganismos desempenham um papel crucial no estabelecimento e manutenção da vegetação e na saúde do solo (Dove et al., 2022).

2. Estabelecimento dos microrganismos no ambiente

Os microrganismos são seres invisíveis a olho nu e são classificados em três domínios: Bacteria, Archaea e Eucarya (Woese et al. 1990). Estes grupos incluem bactérias, fungos, protozoários e algas, e desempenham um papel fundamental em diversos ambientes, como na água, no solo e no ar (Tortora, 2017).

Os microrganismos no ambiente são responsáveis por processos essenciais, como a decomposição da matéria orgânica, a ciclagem de nutrientes e a fixação de nitrogênio no solo (Marques et al., 2015; Ferreira et al., 2017; Bonadiman, 2015). Dessa forma, eles contribuem para a manutenção da vida no solo, proporcionando-lhe estrutura e favorecendo o sucesso no estabelecimento ou restabelecimento da vegetação em áreas que sofreram perturbações ecológicas (Cardoso et al., 2016; Bastos et al., 2023).

Entre os microrganismos presentes no solo, as bactérias e os fungos são os mais abundantes e têm um papel crucial no desenvolvimento das plantas. A abundância e a manutenção desses organismos são fundamentais para o sucesso do restabelecimento da vegetação em áreas impactadas, como em casos de perturbações ecológicas (Cardoso et al., 2016; Marques et al., 2015; Bonadiman, 2015; Obolari, 2021).

O sucesso no estabelecimento de microrganismos em ambientes florestais depende de vários fatores, como a composição do solo, a umidade, a temperatura, o pH e a disponibilidade de oxigênio no ambiente (Pedrosa et al., 2015; Bastos et al., 2023). A composição microbiana de um determinado ambiente tende a mudar conforme as condições climáticas, as perturbações ecológicas e a estrutura da

floresta e do solo, com as pressões seletivas favorecendo organismos capazes de sintetizar substâncias que variam em abundância ou tipo no ambiente (Grugiki et al., 2017; Silva et al., 2020; Lopes et al., 2021).

Uma característica importante, observada em diversas pesquisas (Pereira, 2024; Osaki, 2008; Holanda et al., 2015; Souto et al., 2013), que contribui para o estabelecimento de microrganismos no solo, é a serapilheira. A serapilheira é a camada superficial do solo composta por materiais orgânicos, como restos de plantas, folhas e outros detritos, que servem como substrato para a decomposição microbiana (Pereira, 2024; Silva; Frank Portella; Giongo, 2020; Marques et al., 2015).

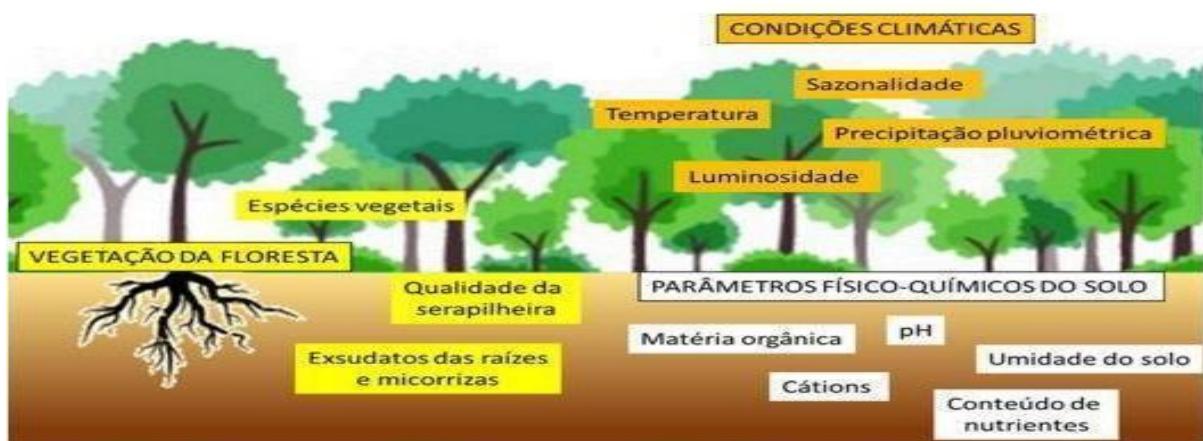


Figura 1: Fatores que influenciam no estabelecimento e manutenção dos microrganismos no solo

Fonte: Pereira, 2019, adaptado de Lladó, López-Mondéjar e Baldrian, 2017.

Estima-se que a presença de serapilheira, juntamente com a deposição de matéria orgânica sobre ela, pode aumentar em até 20 vezes a abundância e a diversidade de microrganismos em comparação a locais sem serapilheira (Pereira, 2024; Osaki, 2008; Pedrosa et al., 2015; Silva et al., 2024).

3. Potencial da Metagenômica e Genômica ambiental

O conhecimento sobre a composição microbiana do solo, até pouco tempo atrás, era limitado a estudos realizados em laboratórios, o que restringia a compreensão da diversidade da comunidade microbiana. Isso se deve ao fato de que muitos microrganismos não podem ser cultivados em meios de cultura, pois não apresentam as condições ideais de sobrevivência encontradas no ambiente natural (Pessoa Filho, 2010; Beng et al., 2020).

Dentre as limitações apresentadas pelos estudos laboratoriais com microrganismos, pode-se citar: 1) o tempo de pesquisa prolongado devido à demanda por tempo, espaço e altos custos para o cultivo dos microrganismos; 2) restringem o conhecimento sobre a biodiversidade da microbiota do ambiente estudado; 3) utilizam técnicas invasivas e muitas vezes destrutivas, já que muitos microrganismos não sobrevivem fora do seu habitat natural, entre outras restrições (Yu et al., 2012; Sharpton, 2014; Nitzsche, 2024).

Nos últimos anos, os estudos sobre microrganismos têm experimentado um crescimento exponencial, impulsionado pelo avanço de equipamentos e métodos que permitem conhecer a microbiota de diferentes ambientes, sem depender das abordagens tradicionais de laboratório (Silva, 2013; Liu et al., 2021; Sharpton, 2014). A metagenômica, que é definida como uma técnica que atua com análise de genomas presentes em amostras ambientais, como solo, água ou até mesmo ar, fornece informações sobre comunidades microbianas (Pinto, 2021; González et al., 2019). Essa abordagem tem sido amplamente aplicada em áreas como ecologia, biotecnologia e genética, com grande potencial para fornecer respostas em diversas pesquisas (Silva, 2013; Sharpton, 2014; Thomas et al., 2012).

A metagenômica permite diferentes abordagens, entre as principais, pode-se citar: a detecção de espécies alvo, utilizando primers específicos por meio da técnica de PCR quantitativa (qPCR), que permite observar a presença ou ausência de uma espécie desejada; e a técnica de eDNA metabarcoding, que é usada para identificar ou quantificar a diversidade de um grupo, utilizando primers universais. Esses primers não são direcionados a uma única espécie, mas sim a grupos taxonômicos, como os ITS para fungos e o 16S rRNA para bactérias, por exemplo (Batista, 2020; Harper et al., 2018).

Em conjunto com a metagenômica, capaz de entender a dinâmica de crescimento de grupos de organismos (Thomas et al., 2012), destaca-se o uso da genômica ambiental, abordagem que envolve a extração e análise de material genético diretamente de amostras ambientais como água, solo, ar ou sedimentos (Rupert et al., 2019; Takahara et al., 2020; Batista, 2020). Essa técnica oferece uma ferramenta valiosa para avaliar a dinâmica de espécies em um determinado habitat, possibilitando o monitoramento das taxas de declínio e ascensão de espécies, o entendimento da dinâmica de extinção, além de ser eficaz na detecção de espécies invasoras. A genômica ambiental também tem contribuído para a descoberta de novas espécies (Harper et al., 2018; Padilla-García et al., 2021) e para o monitoramento de áreas degradadas por perturbações ecológicas (Ruppert, 2019;

Beng et al., 2020).

Pesquisas demonstram que o uso da genômica ambiental tem tornado o estudo da biodiversidade mais eficiente, especialmente quando comparado aos métodos tradicionais baseados em coletas físicas ou observações diretas (Beng et al., 2020; Deiner et al., 2017; Nitzsche, 2024; Breitwieser et al., 2019). Nesse contexto, essa abordagem se destaca por agilizar as pesquisas, possibilitar resultados mais imediatos e viabilizar o monitoramento de processos de restauração em áreas impactadas, ao mesmo tempo em que reduz a necessidade de métodos invasivos para estudar organismos vivos (Beng et al., 2020; González et al., 2019).

Diante da crescente aplicação da genômica ambiental na ciência, seu potencial é cada vez mais reconhecido, embora algumas limitações metodológicas ainda persistam. Entre elas, destacam-se a degradação do material genético nas amostras, caso não sejam armazenadas de maneira adequada, e a sensibilidade ao manuseio, que pode comprometer os resultados do estudo (Dergam, 2016; Barbosa, 2023). A genômica ambiental permite investigar tanto a biodiversidade quanto os aspectos funcionais de comunidades biológicas, fornecendo uma visão abrangente do ecossistema (Padilla-García et al., 2021).

Os potenciais dos microrganismos têm sido utilizados em estudos de diversas áreas de pesquisa, desde a saúde até a agronomia, biotecnologia e outros campos (Andreola et al., 2007; Tortora, 2017), o que evidencia a importância do conhecimento sobre a microbiota de ambientes e solos, especialmente para o desenvolvimento de técnicas de manejo e recuperação do solo. Os microrganismos são componentes essenciais na manutenção e regulação dos solos, desempenhando funções vitais, como a atuação em simbiose com plantas e outros organismos. Essa interação contribui para o sucesso e estabelecimento de plantas, reforçando a importância da microbiota do solo e a necessidade de compreendê-la em profundidade.

REFERÊNCIAS DA INTRODUÇÃO GERAL E REFERENCIAL TEÓRICO

- AGBESHIE, A. A.; ABUGRE, S.; ATTA-DARKWA, T.; AWUAH, R. A review of the effects of forest fire on soil properties. *Journal of Forestry Research*, v. 33, n. 5, p. 1419–1441, out. 2022.
- AIREY LAUVAUX, C.; SKINNER, C. N.; TAYLOR, A. H. High severity fire and mixed conifer forest-chaparral dynamics in the southern Cascade Range, USA. *Forest Ecology and Management*, v. 363, p. 74–85, mar. 2016.
- AMMITZBOLL, H.; JORDAN, G. J.; BAKER, S. C.; FREEMAN, J.; BISSETT, A. Diversity and abundance of soil microbial communities decline, and community compositions change with severity of post-logging fire. *Molecular Ecology*, v. 30, n. 10, p. 2434–2448, 1 maio 2021.
- ANDREOLA, F.; FERNANDES, S. A. P. *A Microbiota do Solo na Agricultura Orgânica e no Manejo das Culturas*. Campinas: Instituto Agronômico, 2007. 312 p.
- ARMENTERAS, D.; GONZÁLEZ, T. M.; RETANA, J. Forest fragmentation and edge influence on fire occurrence and intensity under different management types in Amazon forests. *Biological Conservation*, v. 159, p. 73–79, mar. 2013.
- ARUNRAT, N.; UTTAROTAI, T.; KONGSURAKAN, P.; SEREENONCHAI, S.; HATANO, R. Bacterial Community Structure in Soils With Fire-Deposited Charcoal Under Rotational Shifting Cultivation of Upland Rice in Northern Thailand. *Ecology and Evolution*, v. 15, n. 2, p. e70851, 1 fev. 2025.
- BARBOSA, R. G. O uso do DNA ambiental (eDNA) e da geoquímica orgânica na prospecção de paleo-pinguineiras na Ilha Rei George/Península Antártica. 2023.
- BARRADAS, A. C. S.; BORGES, M. A.; COSTA, M. M.; RIBEIRO, K. T. Paradigmas da Gestão do Fogo em Áreas Protegidas no Mundo e o Caso da Estação Ecológica Serra Geral do Tocantins. *Biodiversidade Brasileira - BioBrasil*, n. 2, p. 71–86, 12 ago. 2020.
- BARREIRO, A.; DÍAZ-RAVIÑA, M. Fire impacts on soil microorganisms: Mass, activity, and diversity. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, v. 22, n. 100264, p. 100264, ago. 2021a.
- BARROS, H. H. D. de. Influência das secas severas na ocorrência de incêndios florestais e perdas de carbono no Sul da Amazônia, estudo de caso em terras indígenas. Manaus, 2016.
- BASTOS, T. R. S.; BARRETO-GARCIA, P. A. B.; MENDES, I. C.; MONROE, P. H. M.; CARVALHO, F. F. Response of soil microbial biomass and enzyme activity in coffee-based agroforestry systems in a high-altitude tropical climate region of Brazil. *CATENA*, v. 230, 2023, p. 107270.
- BATISTA, T. D. Utilização de Ferramentas de Geoprocessamento para Análise dos Focos de Calor e Áreas Queimadas no período de 2011 a 2013 e Determinação de Locais Ideais para Instalação de Torres de Vigia no Parque Nacional Chapada Diamantina, Bahia, Brasil. 2014. Dissertação de Mestrado. Universidade de Lisboa (Portugal).

BENFICA, N. S. Ocorrência de Queimadas no Parque Nacional da Chapada Diamantina. Itapetinga, BA: UESB, 2019.

BONADIMAN, R. Azospirillum brasiliense na produção e composição mineral da forragem de azevém anual (*Lolium multiflorum* Lam.). [s.l.] Universidade Federal de Pelotas, 17 dez. 2015.

BRASIL. LEI Nº 14.944, DE 31 DE JULHO DE 2024. Institui a Política Nacional de Manejo Integrado do Fogo e altera as Leis nºs 7.735, de 22 de fevereiro de 1989, 12.651, de 25 de maio de 2012 (Código Florestal), e 9.605, de 12 de fevereiro de 1998 (Lei dos Crimes Ambientais).

BREITWIESER, F. P.; LU, J.; SALZBERG, S. L. A review of methods and databases for metagenomic classification and assembly. *Briefings in Bioinformatics*, v. 20, n. 4, p. 1125–1136, 2019.

BRUNS, T. D.; CHUNG, J. A.; CARVER, A. A.; GLASSMAN, S. I. A simple pyrocosm for studying soil microbial response to fire reveals a rapid, massive response by *Pyronema* species. *PLoS ONE*, v. 15, n. 3, p. e0222691, 4 mar. 2020.

CARDOSO, E. J. B. N.; ANDREOTE, F. D. Microbiologia do solo. Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2016.

CERTINI, G.; MOYA, D.; LUCAS-BORJA, M. E.; MASTROLONARDO, G. The impact of fire on soil-dwelling biota: A review. *Forest Ecology and Management*, v. 488, n. 118989, p. 118989, maio 2021.

CERTINI, G. Effects of fire on properties of forest soils: a review. *Oecologia*, v. 143, n. 1, p. 1–10, mar. 2005.

CERVANTES, S. O. Fundamentos de litigância climática: o papel da interação entre direitos humanos e ciência na fundamentação dos litígios climáticos. *Revista Jurídica Editora Mizuno*, v. 2, n. 1, 2023.

CHENG, Z. et al. Variations in the Diversity and Biomass of Soil Bacteria and Fungi under Different Fire Disturbances in the Taiga Forests of Northeastern China. *Forests*, v. 14, n. 10, p. 2063, 16 out. 2023.

CHENG, Z. et al. Effect of Forest Fires on the Alpha and Beta Diversity of Soil Bacteria in Taiga Forests: Proliferation of Rare Species as Successional Pioneers. *Forests*, v. 15, n. 4, p. 606, 27 mar. 2024.

CUTLER, N. A. et al. Long-Term Recovery of Microbial Communities in the Boreal Bryosphere Following Fire Disturbance. *Microbial Ecology*, v. 73, n. 1, p. 75–90, 18 ago. 2016.

DEDYSH, S. N. et al. Defining the taxonomic status of described subdivision 3 Acidobacteria: proposal of *Bryobacteraceae* fam. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 67, n. 2, p. 498–501, fev. 2017.

DI BELLA, C. M. et al. Continental fire density patterns in South America. *Global Ecology and Biogeography*, v. 15, n. 2, p. 192–199, 1 mar. 2006.

DODONOV, P. et al. Driving factors of small-scale variability in a savanna plant population after a fire. *Acta Oecologica*, v. 56, p. 47–55, abr. 2014.

DONG, Y. et al. Co-occurrence pattern and function prediction of bacterial community in Karst cave. *BMC Microbiology*, v. 20, n. 1, p. 137, 29 maio 2020.

- DOOLEY, S. R.; TRESEDER, K. K. The effect of fire on microbial biomass: a meta-analysis of field studies. *Biogeochemistry*, v. 109, n. 1, p. 49–61, 20 ago. 2011.
- DOVE, N. C.; TAŞ, N.; HART, S. C. Ecological and genomic responses of soil microbiomes to high-severity wildfire: linking community assembly to functional potential. *The ISME Journal*, v. 16, n. 7, p. 1853–1863, 2022.
- DOVE, N. C.; HART, S. C. Fire Reduces Fungal Species Richness and In Situ Mycorrhizal Colonization: A Meta-Analysis. *Fire Ecology*, v. 13, n. 2, p. 37–65, 1 ago. 2017a.
- DOVE, N. C. et al. Fire alters plant microbiome assembly patterns: integrating the plant and soil microbial response to disturbance. *New Phytologist*, v. 230, n. 6, p. 2433–2446, 1 jun. 2021.
- DOVE, N. C. et al. High-severity wildfire leads to multi-decadal impacts on soil biogeochemistry in mixed-conifer forests. *Ecological Applications*, v. 30, n. 4, p. e02072, 1 jun. 2020.
- ENRIGHT, D. J. et al. Mega-fire in redwood tanoak forest reduces bacterial and fungal richness and selects for pyrophilous taxa that are phylogenetically conserved. *Molecular Ecology*, v. 31, n. 8, p. 2475–2493, 1 abr. 2022.
- FERREIRA, E. P. de B.; STONE, L. F.; MARTIN-DIDONET, C. C. G. Population and microbial activity of the soil under an agro-ecological production system. *Ciencia Agronomica*, v. 48, 2017.
- FERRENBERG, S. et al. Changes in assembly processes in soil bacterial communities following a wildfire disturbance. *The ISME Journal*, v. 7, n. 6, p. 1102–1111, 14 fev. 2013.
- FIERER, N. et al. Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 71, n. 7, p. 4117–4120, jul. 2005.
- FILIPPIDOU, S. et al. A Combination of Extreme Environmental Conditions Favor the Prevalence of Endospore-Forming Firmicutes. *Frontiers in Microbiology*, v. 7, p. 223369, 3 nov. 2016.
- FRECHES, A.; FRADINHO, J. C. The biotechnological potential of the phylum. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 90, n. 6, p. e0175623, 18 jun. 2024.
- FULTZ, L. M. et al. Forest wildfire and grassland prescribed fire effects on soil biogeochemical processes and microbial communities: Two case studies in the semi-arid Southwest. *Applied Soil Ecology*, v. 99, p. 118–128, mar. 2016.
- GARLAPATI, D. et al. A review on the applications and recent advances in environmental DNA (eDNA) metagenomics. *Reviews in Environmental Science and Biotechnology*, v. 18, n. 3, p. 389–411, 2019.
- GONZÁLEZ, M.; CAROLINA, P. Aproximación metagenómica para la identificación de enzimas lipolíticas provenientes de la zona geotérmica “Los Humeros”. *Tecnológico Nacional de México*, 2019.
- HALAMKA, T. A. et al. Production of diverse brGDGTs by Acidobacterium Solibacter usitatus in response to temperature, pH, and O₂ provides a culturing perspective on brGDGT proxies and biosynthesis. *Geobiology*, v. 21, n. 1, p.

102–118, 1 jan. 2023.

HEIJDEN, M. G. A. van der et al. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, v. 11, n. 3, p. 296–310, mar. 2008.

HINOJOSA, M. B. et al. Post-fire soil functionality and microbial community structure in a Mediterranean shrubland subjected to experimental drought. *The Science of the Total Environment*, v. 573, p. 1178–1189, 15 dez. 2016.

HOU, L.; CHEN, J.; LIN, W. Impact of Fire Severity on Soil Bacterial Community Structure and Its Function in *Pinus densata* Forest, Southeastern Tibet. *Forests*, v. 16, n. 6, p. 894, 26 maio 2025.

HOUFANI, A. A. et al. Actinobacterial Strains as Genomic Candidates for Characterization of Genes Encoding Enzymes in Bioconversion of Lignocellulose. *Waste and Biomass Valorization*, v. 13, n. 3, p. 1523–1534, 19 out. 2021.

JESUS, J. G. et al. What If Root Nodules Are a Guesthouse for a Microbiome? The Case Study of *Acacia longifolia*. *Biology*, v. 12, n. 9, p. 1168, 24 ago. 2023.

JIANG, Y.-W. et al. Acidipila dinghuensis sp. nov., an acidobacterium isolated from forest soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 66, n. 1, p. 76–83, 1 jan. 2016.

KERSTERS, K. et al. Introduction to the Proteobacteria. In: *The Prokaryotes*. New York, NY: Springer New York, 2006, p. 3–37.

KONINGER, J. Towards a reliable European assessment of soil biodiversity status under current land use changes. Universidade de Vigo, 2023.

LEITE, F. F. et al. Grandes incêndios florestais em Portugal Continental como resultado das perturbações nos regimes de fogo no mundo mediterrâneo. 2013.

LEITE, C. C. S. DE S. et al. Análise dos incêndios ocorridos no Parque Nacional da Chapada Diamantina-Bahia Em 2008 E 2015 com suporte em índices espectrais de vegetação. *Revista brasileira de cartografia*, v. 69, n. 6, 14 jun. 2017.

LEITE, C. C. S. DE S. et al. Utilização do índice de tendência à ocorrência de focos de calor na definição de áreas prioritárias para o monitoramento e combate à incêndios no Parque Nacional Da Chapada Diamantina-Bahia. 2019.

LI, X. et al. Effects of wildfire on soil microbial communities in karst forest ecosystems of southern Guizhou Province, China. *Applied and Environmental Microbiology*, 20 nov. 2024.

LIESENFELD, M. V. A. et al. Ecologia do fogo e o impacto na vegetação da Amazônia. *Pesquisa Florestal Brasileira*, v. 36, n. 88, p. 505, 11 jan. 2017.

LIU, G. et al. Vertical changes in bacterial community composition down to a depth of 20 m on the degraded Loess Plateau in China. *Land Degradation & Development*, v. 31, n. 10, p. 1300–1313, 1 jun. 2020.

LIU, G. et al. Microenvironment heterogeneity affected by anthropogenic wildfire-perturbed soil mediates bacterial community in *Pinus tabulaeformis* forests.

Frontiers in Microbiology, v. 15, p. 1415726, 9 jul. 2024.

LIU, Y. et al. A Practical Guide To Amplicon And Metagenomic Analysis Of Microbiome Data. *Protein & Cell*, v. 12, n. 5, p. 315–330, May 2021.

LOPES, L. D. et al. Shifts in microbial and physicochemical parameters associated with increasing soil quality in a tropical Ultisol under high seasonal variation. *Soil & Tillage Research*, v. 206, n. 104819, p. 104819, fev. 2021.

MALTEZ, F. L. S. Análise das políticas públicas de enfrentamento aos incêndios florestais no Parque Nacional da Chapada Diamantina. 2018.

MANDE, S. S.; MOHAMMED, M. H.; GHOSH, T. S. Classification of metagenomic sequences: methods and challenges. *Briefings in Bioinformatics*, v. 13, n. 6, p. 669–681, Nov. 2012.

MARTINS, F. D. et al. Grupos de Queimada Controlada para Prevenção de Incêndios Florestais no Mosaico de Carajás. *Biodiversidade Brasileira*, 6(2):121–134, 2016.

MENG, M. et al. Driving force of soil microbial community structure in a burned area of Daxing'anling, China. *Journal of Forestry Research*, v. 32, n. 4, p. 1723–1738, 9 out. 2020.

MUKHOPADHYA, I. et al. IBD, what role do Proteobacteria play? *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, v. 9, n. 4, p. 219–230, 21 fev. 2012.

NELSON, A. R. et al. Wildfire-dependent changes in soil microbiome diversity and function. *Nature Microbiology*, v. 7, n. 9, p. 1419–1430, 25 ago. 2022.

NITZSCHE, N. M. Avaliação da biodiversidade da ictiofauna em ecossistemas estuarinos do litoral de São Paulo utilizando DNA ambiental e RNA ambiental metabarcoding como biomarcadores. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Evolutiva), Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, 2024.

NIZAMANI, M. M. et al. Microbial biodiversity and plant functional trait interactions in multifunctional ecosystems. *Applied Soil Ecology*, v. 201, n. 105515, p. 105515, set. 2024.

OBOLARI, A. de M. M. Indicadores de serviços ecossistêmicos em sistemas silvipastoris. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2021.

OLIVEIRA, M. R. et al. Indigenous brigades change the spatial patterns of wildfires, and the influence of climate on fire regimes. *Journal of Applied Ecology*, v. 59, n. 5, p. 1279–1290, 1 maio 2022.

ORTEGA-VILLAR, R. et al. Isolation and Characterization of Thermophilic Bacteria from a Hot Spring in the State of Hidalgo, Mexico, and Geochemical Analysis of the Thermal Water. *Microorganisms*, v. 12, n. 6, 24 maio 2024.

PADILLA-GARCÍA, C. Y.; CAMACHO-SÁNCHEZ, F. Y.; REYES-LÓPEZ, M. Á. Metabarcoding de DNA ambiental: un enfoque para el seguimiento de la biodiversidad. *CienciaUAT*, p. 136–149, 2021.

PALMER, B. et al. Using simulated wildland fire to assess microbial survival at multiple depths from biocrust and bare soils. *Frontiers in Microbiology*, v. 14,

p. 1123790, 17 mar. 2023.

PAULINO, B. G. Análise temporal da ocorrência de incêndios florestais no parque Estadual da Serra de Caldas Novas (PESCaN), Goiás, 2015.

PAUSAS, J. G. Evolutionary fire ecology: lessons learned from pines. *Trends in Plant Science*, v. 20, n. 5, p. 318–324, maio 2015.

PEDROSA, M. V. et al. Importância ecológica dos microrganismos do solo. *Enciclopedia Biosfera*, v. 11, n. 22, 2015.

PESSOA FILLHO, M. A. C. Metagenômica e sua aplicação no estudo de diversidade e função de microrganismos de solos do Cerrado. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2010.

PEZENTI, T. A. Mapeamento de combustível vegetal para o manejo do fogo no interior do Parque Nacional de Ilha Grande. 31 maio 2024.

PINTO, R. G. S. Avaliação de comunidades bacterianas de fluidos industriais e efeito de bioativos verdes sobre sua estrutura. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia Ambiental) - Universidade do Vale do Itajaí, Itajaí, 2021.

PIVELLO, V. R. et al. Understanding Brazil's catastrophic fires: Causes, consequences and policy needed to prevent future tragedies. *Perspectives in Ecology and Conservation*, v. 19, n. 3, p. 233–255, jul. 2021.

PRESSLER, Y.; MOORE, J. C.; COTRUFO, M. F. Belowground community responses to fire: meta-analysis reveals contrasting responses of soil microorganisms and mesofauna. *Oikos*, v. 128, n. 3, p. 309–327, mar. 2019.

QIN, Q.; LIU, Y. Changes in microbial communities at different soil depths through the first rainy season following severe wildfire in North China artificial *Pinus tabulaeformis* forest. *Journal of Environmental Management*, v. 280, p. 111865, 15 fev. 2021.

RAFIE, S. A. A. et al. Impact of prescribed fire on soil microbial communities in a Southern Appalachian Forest clear-cut. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, p. 1322151, 25 abr. 2024.

RASCIO, I. et al. Combined Effect of Laboratory-Simulated Fire and Chromium Pollution on Microbial Communities in an Agricultural Soil. *Biology*, v. 10, n. 7, p. 587, 26 jun. 2021.

REIS DOS SANTOS BASTOS, T. et al. Response of soil microbial biomass and enzyme activity in coffee-based agroforestry systems in a high-altitude tropical climate region of Brazil. *Catena*, v. 230, n. 107270, p. 107270, set. 2023.

SANTOS, S. M. B. dos et al. Assessment of burned forest area severity and postfire regrowth in Chapada Diamantina National Park (Bahia, Brazil) using dNBR and RdNBR spectral indices. *Geosciences*, v. 10, n. 3, p. 106, 18 mar. 2020.

SHARPTON, T. J. An introduction to the analysis of shotgun metagenomic data. *Frontiers in Plant Science*, v. 5, p. 86894, 16 jun. 2014.

SILVA, S. F. da et al. Estoque de biomassa e carbono em serrapilheira na floresta secundária do Parque Zoobotânico da Universidade Federal do Acre. *Delos*, v. 17, n. 62, p. e3059, 5 dez. 2024.

SILVA, T. B.; ROCHA, W. de J. S. da; SILVA, U. B. e. Análise Metagenômica Da Microbiota De Ambientes Aquáticos Do Estado Do Rio Grande Do Norte - Brasil. 2013.

SUN, H. et al. Bacterial community structure and function shift across a northern boreal forest fire chronosequence. *Scientific Reports*, v. 6, n. 1, p. 1–12, 30 ago. 2016.

TEBALDI, A. L. C. et al. Actions of Prevention and Combat to Forest Fires in Conservation Units from Espírito Santo state, Brazil. *FLORAM*, vol. 20, n. 4, p. 538–549, 2013.

THOMAS, T.; GILBERT, J.; MEYER, F. Metagenomics - a guide from sampling to data analysis. *Microbial Informatics and Experimentation*, v. 2, n. 1, p. 1–12, 9 fev. 2012.

TORRES, F. T. P. et al. Perfil dos incêndios florestais em unidades de conservação brasileiras no período de 2008 à 2012. *Floresta*, v. 46, n. 4, p. 531, 2 jan. 2017.

TORRES, F. T. P. et al. Mapeamento do Risco de Incêndios Florestais Utilizando Técnicas de Geoprocessamento. *Floresta e Ambiente*, v. 24, 10 abr. 2017.

TORTORA, G. J.; FUNKE, B. R.; CASE, C. L. *Microbiologia*. Tradução: Danielle Soares de Oliveira Daian et al. 12. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

WALDROP, M. P. et al. The interacting roles of climate, soils, and plant production on soil microbial communities at a continental scale. *Ecology*, v. 98, n. 7, p. 1957–1967, 1 jul. 2017.

WARD, L. M. et al. Evolution of Phototrophy in the Chloroflexi Phylum Driven by Horizontal Gene Transfer. *Frontiers in Microbiology*, v. 9, p. 260, 19 fev. 2018.

WEST-ROBERTS, J. A. et al. The Chloroflexi supergroup is metabolically diverse and representatives have novel genes for non-photosynthesis based CO₂ fixation. 24 ago. 2021.

WHITE, B. L. A.; WHITE, L. A. S. Queimadas e incêndios florestais no estado de Sergipe, Brasil, entre 1999 e 2015. *Floresta*, 46(4), 561, 2017.

WOESE, C. R.; KANDLER, O.; WHEELIS, M. L. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 87, n. 12, p. 4576–4579, jun. 1990.

XIANG, X. et al. Rapid recovery of soil bacterial communities after wildfire in a Chinese boreal forest. *Scientific Reports*, v. 4, n. 1, p. 1–8, 23 jan. 2014.

YABE, S. et al. Diversity of Ktedonobacteria with Actinomycetes-Like Morphology in Terrestrial Environments. *Microbes and Environments*, v. 32, n. 1, p. 61–70, 31 mar. 2017.

YANG, M. et al. Effect of fire and post-fire management on soil microbial communities in a lower subtropical forest ecosystem after a mountain fire. *Journal of Environmental Management*, v. 351, p. 119885, fev. 2024.

Capítulo 1- Composição procariótica do solo sob influência de queimadas controladas em ecossistemas inflamáveis na Chapada Diamantina, BA

Naíze Marcielle de Araújo¹, Eddy José Francisco de Oliveira²,Carolina Oliveira de Santana³

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, Universidade Estadual de Feira de Santana

naize89@gmail.com;

²Professor adjunto, Universidade Estadual de Feira de Santana, Bahia.

eddyfo@uefs.br;

³Professora visitante, Universidade Estadual de Feira de Santana, Bahia.

cosantana@uefs.br;

Resumo

As queimadas, naturais ou antrópicas, modificam a estrutura e a composição dos ecossistemas, afetando a biodiversidade. No Parque Nacional da Chapada Diamantina (BA), onde os campos rupestres predominam, queimadas controladas são empregadas para manejo do material combustível, mas seus efeitos sobre a microbiota do solo ainda são pouco conhecidos. Este estudo investigou a diversidade, composição e estrutura de comunidades procarióticas em áreas queimadas (um e dois anos pós-fogo) e não queimadas, considerando diferentes profundidades (0–15 cm e 15–30 cm). Foram coletadas 18 amostras de solo, processadas por sequenciamento da região V3/V4 do gene 16S rRNA e analisadas no pipeline DADA2 e no RStudio, com métricas de diversidade alfa e beta, análises de abundância relativa, e de abundância diferencial (DESeq2) e de valor indicativo (IndVal). Foram identificados 30 filos, 64 classes, 129 ordens, 149 famílias e 213 gêneros. Os filos Acidobacteria, Actinobacteria e Proteobacteria predominaram em todas as áreas, enquanto ordens como Rhizobiales, Ktedonobacterales e Solibacterales foram mais abundantes em solos controle, sugerindo sensibilidade ao fogo. A riqueza microbiana foi reduzida nas áreas queimadas, especialmente na

camada superficial, embora os índices de Shannon e Simpson tenham se mantido semelhantes. A profundidade estrutura as comunidades nas áreas de controle, mas esse efeito foi atenuado após o fogo. Diferenças na composição entre locais queimados indicaram influência do tempo pós-fogo e das características locais na recuperação microbiana. O gênero *Acidipila* foi associado a áreas queimadas e *Telmatospirillum* a áreas controle, indicando potencial como bioindicadores. Os resultados mostram que o fogo atua como filtro ambiental, selecionando microrganismos com atributos de resistência e reorganizando a estrutura comunitária do solo. A identificação de táxons sensíveis e resistentes oferece subsídios para o monitoramento ecológico e o manejo adaptativo em ecossistemas suscetíveis a queimadas, reforçando a importância de integrar análises microbianas às estratégias de conservação.

Palavras-chave: ação do fogo; diversidade microbiana; resiliência microbiana; manejo do fogo; amplicons.

Abstract

Wildfires, whether natural or anthropogenic, modify the structure and composition of ecosystems, affecting biodiversity. In the Chapada Diamantina National Park (BA), where rupestrian grasslands predominate, controlled burns are employed for the management of combustible material, but their effects on soil microbiota are still little known. This study investigated the diversity, composition, and structure of prokaryotic communities in burned areas (one and two years post-fire) and unburned areas, considering different depths (0–15 cm and 15–30 cm). Eighteen soil samples were collected, processed through sequencing of the V3/V4 region of the 16S rRNA gene, and analyzed in the DADA2 pipeline and RStudio, with alpha and beta diversity metrics, relative abundance analyses, as well as differential abundance (DESeq2) and indicator value (IndVal) analyses. A total of 30 phyla, 64 classes, 129 orders, 149 families, and 213 genera were identified. The phyla Acidobacteria, Actinobacteria, and Proteobacteria predominated in all areas, while orders such as Rhizobiales, Ktedonobacterales, and Solibacterales were more abundant in control soils, suggesting sensitivity to fire. Microbial richness was reduced in burned areas, especially in the superficial layer, although Shannon and Simpson indices remained

similar. Depth structured the communities in control areas, but this effect was attenuated after fire. Differences in composition between burned sites indicated the influence of post-fire time and local characteristics on microbial recovery. The genus Acidipila was associated with burned areas and Telmatospirillum with control areas, indicating potential as bioindicators. The results show that fire acts as an environmental filter, selecting microorganisms with resistance attributes and reorganizing the community structure of the soil. The identification of sensitive and resistant taxa provides support for ecological monitoring and adaptive management in fire-prone ecosystems, reinforcing the importance of integrating microbial analyses into conservation strategies.

Keywords: fire impact; microbial diversity; microbial resilience; fire management; amplicons.

INTRODUÇÃO

As queimadas, sejam naturais ou antrópicas, provocam perturbações nos ecossistemas, resultando em desequilíbrios na biodiversidade, afetando tanto a fauna quanto a flora. Os danos variam conforme a frequência e a recorrência dos incêndios (Airey Lauvaux et al., 2016). De acordo com os dados do MapBiomass, em 2024 houve um aumento de 79% nas áreas queimadas no Brasil em relação à média dos últimos seis anos (MapBiomass, 2025). Os incêndios em áreas de vegetação tornaram-se constantes e representam um desafio global.

O papel do aquecimento global na intensificação dos incêndios tem sido amplamente discutido (Armenteras et al., 2013; Liesenfeld et al., 2017). Para que o fogo se propague por grandes distâncias, é necessário material combustível na área. O solo seco, a ausência de chuva e o acúmulo de biomassa são alguns dos principais fatores que favorecem a ocorrência de incêndios em áreas de vegetação (Dodonov et al., 2014).

O Parque Nacional da Chapada Diamantina (PNCD), unidade de conservação localizada na Bahia, abrange cerca de 152 mil hectares e tem sido frequentemente afetado por incêndios de grandes proporções, causando prejuízos significativos. Sua rica biodiversidade justificou sua proteção como Unidade de Conservação em 1985,

por meio de um decreto federal (MMA, 2007). Essa biodiversidade é essencial para a preservação do Cerrado e da Caatinga e para o desenvolvimento de pesquisas científicas. Atividades como turismo e agricultura familiar são fontes de renda importantes para a população local, reforçando a necessidade de conservação ambiental para a sustentabilidade econômica da região (Brandão, 2019). Acredita-se que as queimadas no Parque Nacional (Parna) possam estar associadas a essas atividades (Giudice et al., 2010).

Embora os impactos do fogo na biodiversidade sejam amplamente reconhecidos, alguns biomas desenvolveram adaptações à sua presença ao longo do tempo. Isso pode ser observado em vegetações que apresentam características específicas de resistência ao fogo (Pausas, 2015; Bruns et al., 2020). Incêndios de pequena proporção podem até contribuir para a degradação da biomassa seca, reduzindo o acúmulo de material combustível e prevenindo queimadas de grande escala (Airey Lauvaux et al., 2016).

Inseridos nesse contexto, os campos rupestres brasileiros, distribuídos sobre afloramentos quartzíticos e areníticos, representam ecossistemas de elevada heterogeneidade ambiental e alto endemismo, exercendo papel crucial na manutenção da biodiversidade nacional (Zappi et al., 2017; Silveira et al., 2016). Caracterizam-se por solos rasos, ácidos, pobres em nutrientes e de baixa capacidade de retenção hídrica, aliados a condições ambientais extremas, como alta incidência solar, variações térmicas diárias, ventos constantes e períodos de déficit hídrico prolongado (Conceição et al., 2005; Neves et al., 2010).

Na Chapada Diamantina, esses ambientes ocorrem em altitudes que variam, em geral, entre 700 m e mais de 1.400 m, compondo paisagens heterogêneas e micro-habitats que influenciam a distribuição de organismos (Conceição et al., 2005). Apesar de sua importância ecológica e hidrológica, esses ecossistemas apresentam elevada sensibilidade a distúrbios ambientais. Entre esses, o fogo se destaca como um dos fatores mais impactantes, seja pela sua capacidade de alterar rapidamente a estrutura e a composição dos habitats, seja por potencializar processos de degradação quando recorrente. Essa vulnerabilidade, somada a pressões como mineração e expansão agropecuária, reforça a necessidade de estratégias específicas de manejo e conservação (Silveira et al., 2016; Zappi et al., 2017; Conceição et al., 2005; Neves et al., 2010).

Com o objetivo de minimizar o material combustível no solo do Parna da Chapada Diamantina, equipes de brigadistas do ICMBio, submetem algumas áreas à ação do fogo, atividade esta que é conhecida como queimadas controladas. Essa prática, regulamentada pelo Plano Nacional de Manejo Integrado do Fogo (BRASIL, 2024), e conduzida dentro dos parâmetros da legislação vigente, busca reduzir os impactos de incêndios naturais ou provocados por ação humana, impedindo que tomem grandes proporções.

A ação do fogo reduz a biomassa, incluindo microrganismos fundamentais para a manutenção do solo, atuantes na fixação de nitrogênio e na regulação do dióxido de carbono (Fultz et al., 2016). Além disso, compromete a disponibilidade de nutrientes para as plantas e modifica habitats, reduzindo a biomassa microbiana (Nelson et al., 2022; Hinojosa et al., 2016). Estudos indicam que comunidades microbianas pós-fogo são altamente dinâmicas (Dove et al., 2022), sendo essencial compreender sua sucessão ecológica para avaliar a recuperação do ecossistema.

Pesquisas sobre microrganismos no ambiente exigem investimentos significativos em recursos financeiros, tempo e infraestrutura, tornando seu desenvolvimento e continuidade desafiadores. Esses organismos são altamente sensíveis e difíceis de cultivar em condições artificiais que reproduzem adequadamente seu ambiente natural (Beng et al., 2020).

No entanto, o avanço da biotecnologia tem impulsionado estudos nessa área, permitindo a aplicação de metodologias mais eficientes, como a metagenômica (Koninger, 2023). Essa técnica possibilita a análise da diversidade microbiana sem a necessidade de cultivo laboratorial, identificando a composição das comunidades em diferentes amostras ambientais (Liu et al. 2021). A metagenômica tem se destacado nos últimos anos por sua capacidade de demonstrar interações ecológicas e impactos ambientais em diversos ecossistemas (Pessoa Filho, 2010).

Considerando as lacunas no conhecimento sobre os efeitos do fogo nas comunidades microbianas do solo no Parque Nacional da Chapada Diamantina, este estudo tem como objetivo analisar a diversidade microbiana da região afetada por queimadas na Chapada Diamantina - BA. A recorrência desses incêndios reforça a necessidade de compreender seus impactos para promover a recuperação ecológica e a conservação ambiental

MATERIAIS E MÉTODOS

1. Área de estudo

A pesquisa foi conduzida no Parque Nacional da Chapada Diamantina, situado na região central da Bahia, abrangendo quase 40 mil km². Este parque está localizado entre as coordenadas geográficas 41°35'-41°15' de longitude oeste e 12°25'-13°20' de latitude sul. A região se estende por altitudes que variam entre aproximadamente 900 e 1 700 m acima do nível do mar (Funch et al., 2009). O parque se desenvolve sobre rochas metassedimentares, como quartzitos e arenitos, resultantes de complexos acontecimentos tectônicos e erosivos, o que gera um relevo marcado por chapadas e vales profundos.

A vegetação do Parna é composta por algumas formações biológicas, incluindo cerrado (Benfica et al., 2021), caatinga (Leite et al., 2017) e campo rupestre (Neves et al., 2016). O clima é semiúmido, com estações chuvosas (MMA, 2007). Os campos rupestres são o tipo de vegetação predominante, chegando a ocupar cerca de 63,4 % da área total do parque (Funch et al., 2009). Essas formações vegetais ocorrem principalmente acima de 800 m, em superfícies rochosas com solos rasos, muito ácidos, pobres em nutrientes e de baixa capacidade de retenção hídrica, condições que impõem forte estresse ambiental (Lima et al., 2015). Esses fatores, juntamente com elevada insolação, grande amplitude térmica diurna e ventos frequentes, favorecem a ocorrência e a especialização de organismos adaptados ao rigor das condições locais (Conceição et al., 2005).

As coletas para esta pesquisa ocorreram no distrito de Guiné, localizado no município de Mucugê. Este município, um dos mais procurados para atividades turísticas na região da Chapada Diamantina, está circundado pela Serra do Sincorá e possui as coordenadas geográficas 13°00'05"S e 41°22'19"W. A região apresenta uma temperatura média de 19°C, com altitude variando entre 981 e 1.568 metros. A vegetação predominante da região é o Campo Rupestre (Roque et al., 2016)

2. Amostragem

Foram levantados juntamente com o ICMBio, sede da Chapada Diamantina, os locais onde ocorreram os últimos eventos de queimas controladas, para que se pudesse seguir a amostragem por cronossequência. Foi realizada uma coleta única de amostras de solo em março de 2024, sob o código de autorização ICMBio 92319-1, em regiões que passaram por eventos de queimas controladas em setembro de 2022 (amostras fogo-22) e novembro de 2023 (amostras fogo-23). A localização das áreas de coletas eram próximas, com fitofisionomia e estrutura do solo semelhantes. A fim de garantir uma quantidade de amostras suficientes para responder às questões levantadas por este estudo, foram coletadas triplicatas de todas as amostras.

As coletas foram realizadas nas camadas superficiais de 0-15 cm em todas as áreas (controle 22, controle 23, fogo-22, fogo-23) e nas camadas mais profundas de 15-30cm nas áreas onde o solo apresentou maior profundidade (controle 22, controle 23, fogo-22), com o auxílio de um trado. Em cada local, foram coletadas três amostras, distribuídas ao longo de um transecto de 10 metros de distância entre uma amostra e outra. Ao todo, foram coletadas 24 amostras de solo, no entanto, durante a etapa de extração do DNA, houve perda de material em seis delas, resultando em um total de 18 amostras processadas neste estudo.

Foram analisadas áreas sem registro recente de intervenção por fogo, ou que não foram afetadas pelo distúrbio há um período prolongado (áreas controle), em comparação com áreas submetidas à queima controlada (Aceiros negros), com distintos tempos de recuperação: um ano e seis meses (Fogo-22) e quatro meses (Fogo-23). O tempo de recuperação considerado refere-se ao intervalo entre a ocorrência do fogo e o momento da coleta das amostras, permitindo a avaliação dos efeitos do fogo sob diferentes estágios de regeneração microbiana (Figura 1).

Após a coleta, as amostras foram armazenadas em uma caixa térmica com gelo durante o transporte até o laboratório e em laboratório foram congeladas a -18°C, seguindo os protocolos de preservação necessários para garantir a integridade do DNA presente. Em seguida, as amostras foram seccionadas e enviadas a um laboratório parceiro, onde foi realizada a extração e o sequenciamento do DNA presente nas amostras.



Figura 1: Localização dos pontos de coleta de solo no distrito de Guiné, município de Mucugê (Chapada Diamantina, BA). O mapa à direita mostra o limite municipal de Mucugê (linha branca) e o distrito de Guiné (linha vermelha). Os quadrados ampliados à esquerda indicam em detalhe os pontos de coleta em áreas controle (C) e queimadas (A).

3. Extração e sequenciamento do DNA

Para a extração do DNA presente nas amostras, foi adotado um protocolo de PCR em duas etapas. Na primeira etapa, foram utilizados os primers universais 341F (CCTACGGGRSGCAGCAG) e 806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT), específicos para a região V3/V4 do gene 16S rRNA, junto a um adaptador parcial Illumina baseado na estrutura TruSeq (Illumina, EUA). As reações de PCR foram realizadas com a enzima Platinum Taq (Invitrogen, EUA) nas seguintes condições:

95 °C por 5 minutos, seguidos de 25 ciclos de 95 °C por 45 segundos, 55 °C por 30 segundos e 72 °C por 45 segundos, com uma extensão final de 72 °C por 2 minutos.

Na segunda etapa do PCR, foram adicionadas sequências de indexação com índices duplos para cada amostra. Novamente, utilizou-se a Platinum Taq (Invitrogen, EUA), sob as seguintes condições: 95 °C por 5 minutos, seguidos de 10 ciclos de 95 °C por 45 segundos, 66 °C por 30 segundos e 72 °C por 45 segundos, com uma extensão final de 72 °C por 2 minutos. Todas as reações de PCR foram realizadas em triplicata. Os produtos finais do PCR foram purificados com Neobeads (beads magnéticas baseadas em Sera-Mag), e volumes equivalentes de cada amostra foram combinados em um pool para sequenciamento. Durante todas as etapas do PCR, foram incluídos um Controle Negativo de Reação (CNR) e um Controle Negativo de Extração (CNE).

O sequenciamento de alto desempenho foi realizado pela Neoprospecta Microbiome Technologies (Florianópolis, Santa Catarina, Brasil), utilizando as regiões V3/V4 do gene 16S rRNA. A preparação das bibliotecas seguiu um protocolo exclusivo da Neoprospecta, empregando sequenciamento paired-end com os kits V3 (600 ciclos), no equipamento MiSeq Sequencing System (Illumina Inc., EUA).

4. Análise e visualização dos dados

A análise das comunidades microbianas do solo foi realizada com base em dados de sequenciamento da região V3/V4 do gene 16S rRNA, processados por meio do pipeline DADA2 (Callaham et al., 2016) na plataforma Galaxy Genome (<https://usegalaxy.org/>). Os arquivos contendo as leituras pareadas, resultantes do sequenciamento, foram importados em formato FASTQ e carregados na plataforma Galaxy. Inicialmente foi verificada a qualidade das sequências obtidas através da ferramenta plotQualityProfile, que gerou gráficos de qualidade. Após esta etapa, foi realizado o processamento das sequências com o pipeline DADA2. função “filterAndTrim” foi utilizada para filtragem e corte das sequências, eliminando-se todas as leituras com qualidade abaixo de 2 e mantendo-se apenas sequências maiores que 20 bases no total. As leituras diretas foram truncadas ao comprimento de 290 bases, descartando-se as 10 bases finais para aumentar a qualidade média

das sequências e as leituras reversas foram truncadas ao comprimento de 240 bases, para compensar a queda de qualidade nas bases finais.

Em seguida, executou-se a etapa de aprendizagem da taxa de erro a partir da função “learnErrors”, em que as taxas de erro específicas do sequenciamento foram modeladas estatisticamente, a partir dos próprios dados amostrados. Essa modelagem considera a comparação entre as sequências observadas e suas respectivas pontuações de qualidade (valores “Phred”), permitindo que o algoritmo DADA2 diferencie com precisão entre variações reais e erros técnicos de leitura. Essa estratégia assegura uma reconstrução mais fiel da diversidade microbiana presente nas amostras. Após esta etapa, a função “dada” foi utilizada para remover os erros das sequências.

As leituras diretas e reversas foram então mescladas por meio da função “mergePairs”, sendo descartadas as sequências que não apresentaram sobreposição suficiente (mínimo de 20 bases). A remoção de sequências químéricas foi realizada por meio da função “removeBimeraDenovo”. As quimeras, resultantes de fusões artificiais entre duas ou mais sequências durante a amplificação por PCR, foram eliminadas para evitar a inclusão de artefatos nos resultados finais e assegurar a robustez da matriz de ASVs (Amplicon Sequence Variants) que foi posteriormente gerada.

A etapa subsequente consistiu na atribuição taxonômica das ASVs por meio da ferramenta “assignTaxonomy and addSpecies” que incorpora as funções “assignTaxonomy” e “addSpecies”, utilizando o banco de dados SILVA (<https://www.arb-silva.de/>) versão 132 como referência, sendo este banco, amplamente reconhecido por sua abrangência. Ainda assim, é importante destacar que uma parcela dos microrganismos permanece sem identificação no banco de dados, o que limita a resolução em alguns níveis taxonômicos.

Ao final do pipeline (Figura 2), foi gerada uma matriz contendo as abundâncias das ASVs por amostra, bem como a tabela taxonômica destas sequências. A matriz final resultou em um total de 9.282 ASVs distribuídas em 18 amostras, com uma média aproximada de 515 ASVs por amostra.

Estas tabelas serviram como base para as análises estatísticas e ecológicas realizadas no software RStudio, empregando os pacotes phyloseq (McMurdie et al.,

2013), vegan (Callahan et al., 2016), Indicspecies (De Cáceres & Legendre 2009) e DESeq2 (Love et al., 2014). Com o objetivo de avaliar os efeitos da queima controlada sobre a estrutura e diversidade das comunidades microbianas do solo em diferentes profundidades, foram realizadas análises em múltiplos níveis taxonômicos e métricas ecológicas.

As ASVs foram agrupadas em diversos níveis taxonômicos e analisadas quanto à sua ocorrência, frequência e exclusividade entre os sites. A partir desses dados, foram elaborados gráficos de barras representando a proporção relativa dos principais filos microbianos, evidenciando alterações na composição das comunidades e permitindo detectar respostas diferenciais de grupos microbianos ao fogo.

A diversidade alfa foi avaliada individualmente para cada amostra, utilizando o Índice de Shannon, o Índice de Simpson e o número de ASVs observadas. Esses indicadores foram comparados entre áreas controle e áreas queimadas, bem como entre profundidades (0–15 cm e 15–30 cm), com o objetivo de verificar como o fogo impacta a heterogeneidade local das comunidades. Testes estatísticos não paramétricos, como o teste de Kruskal-Wallis, foram aplicados para identificar diferenças significativas entre os grupos.

A diversidade beta foi analisada por meio de escalonamento multidimensional não-métrico (NMDS), com base na distância de Bray-Curtis, com o objetivo de representar graficamente a dissimilaridade na composição das comunidades microbianas entre os diferentes grupos experimentais. A significância das diferenças estruturais observadas foi testada com o método PERMANOVA (Permutational Multivariate Analysis of Variance), com 999 permutações, permitindo avaliar se as comunidades microbianas se agrupam de forma distinta de acordo com o tempo dos aceiros ou a profundidade do solo.

Por fim, foi realizada a análise de abundância diferencial com o objetivo de identificar ordens bacterianas significativamente mais abundantes entre os diferentes grupos amostrais. Essa abordagem permitiu detectar alterações significativas na abundância de determinados táxons entre os tratamentos, oferecendo uma visão quantitativa das respostas microbianas ao fogo. Também foi realizada a Análise de Valor Indicador (IndVal), por meio do pacote Indicspecies no R. Essa abordagem

estatística é utilizada para identificar espécies que atuam como indicadoras de grupos específicos ou condições ambientais distintas, permitindo avaliar a associação significativa de microrganismos com diferentes tratamentos, como áreas queimadas ou não queimadas.

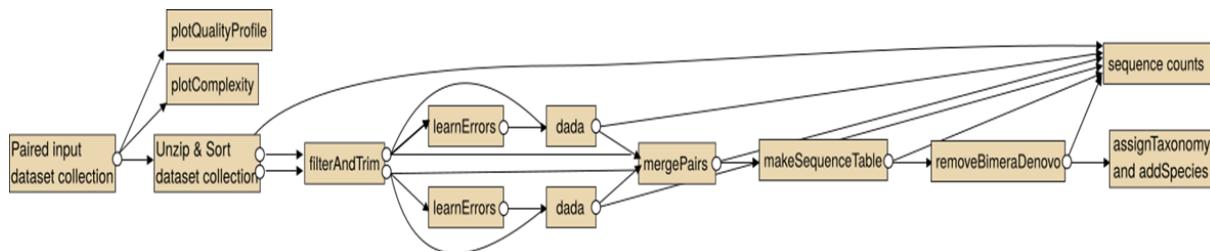


Figura 2: Fluxograma de processamento bioinformático do gene 16S rRNA no pipeline DADA2 no galaxy.

Fonte: Tutorial para sequenciamento na plataforma DADA2 no galaxy, 2024 (<https://gxy.io/GTN:T00441>)

RESULTADOS

Foram analisadas 18 amostras, nas quais foram identificados 30 filos, 64 classes, 129 ordens, 149 famílias e 213 gêneros distintos. Esses dados demonstram a diversidade taxonômica das comunidades microbianas do solo presentes no estudo. Neste estudo, foram realizadas análises taxonômicas comparativas entre as áreas de aceiros negros e controles, métricas de diversidade e riqueza de espécies, entre outras. Os resultados obtidos avaliam a diversidade de microrganismos em diferentes históricos de fogo.

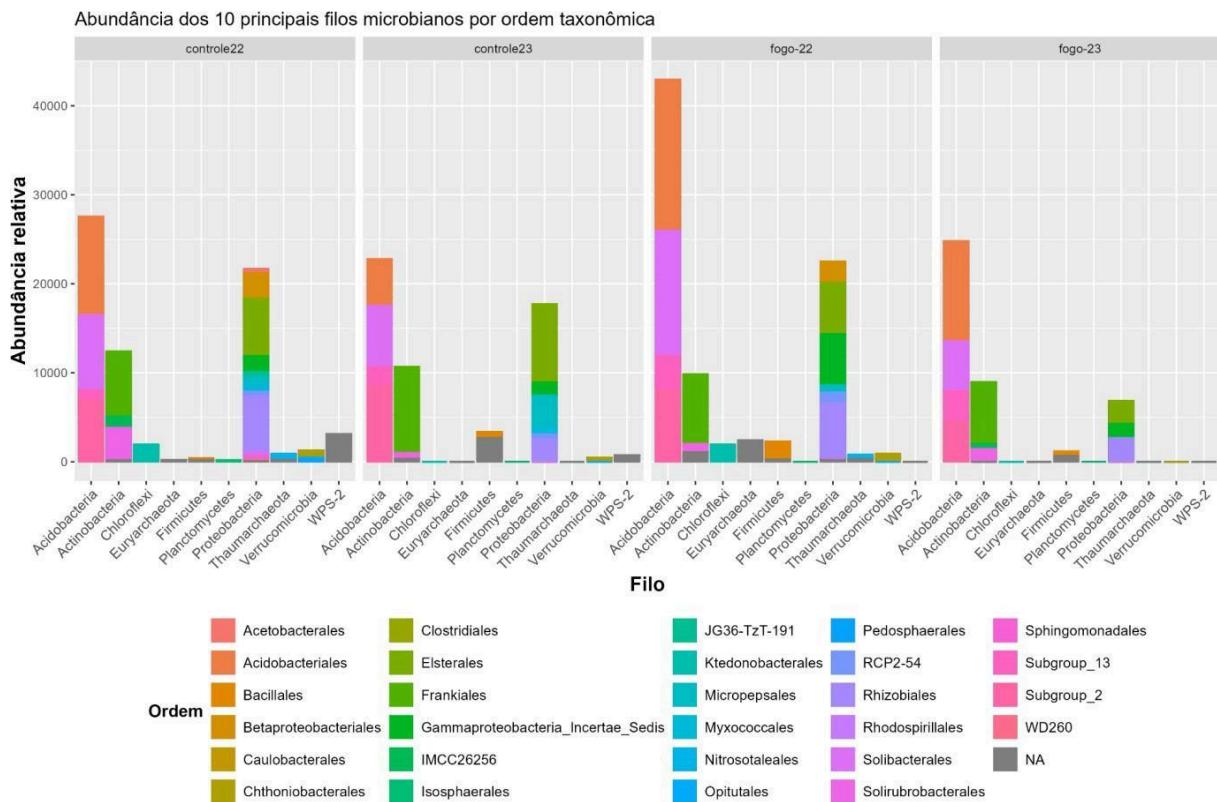


Figura 3: Representação da abundância dos filos presentes nas amostras.

O gráfico de barras (Figura 3) exibe a classificação filogenética dos organismos identificados, agrupados por filo. Dentre os filos mais predominantes nas amostras, destacam-se Acidobacteria, Actinobacteria, Proteobacteria. Outros filos, como Chloroflexi, Firmicutes e Verrucomicrobia, também foram detectados, porém com menor predominância em comparação aos citados anteriormente. A análise da composição microbiana das amostras demonstrou uma diversidade significativa de filos de bactérias e de Archaea, indicando um ecossistema microbiano funcionalmente diverso e dinâmico. Essa distribuição sugere uma interação entre os microrganismos e o ambiente do solo. Dentre os grupos identificados, os filos Acidobacteria e Proteobacteria apresentaram maior abundância.

O gráfico (Figura 4) apresenta os índices de diversidade alfa utilizando o Índice de Shannon, Índice de Simpson e a riqueza Observada para medir diferentes áreas de amostragem (controle22, controle23, fogo-22, fogo-23). Os resultados são

apresentados em forma de gráficos de caixa, permitindo a visualização da distribuição dos dados e a comparação entre os grupos amostrados.

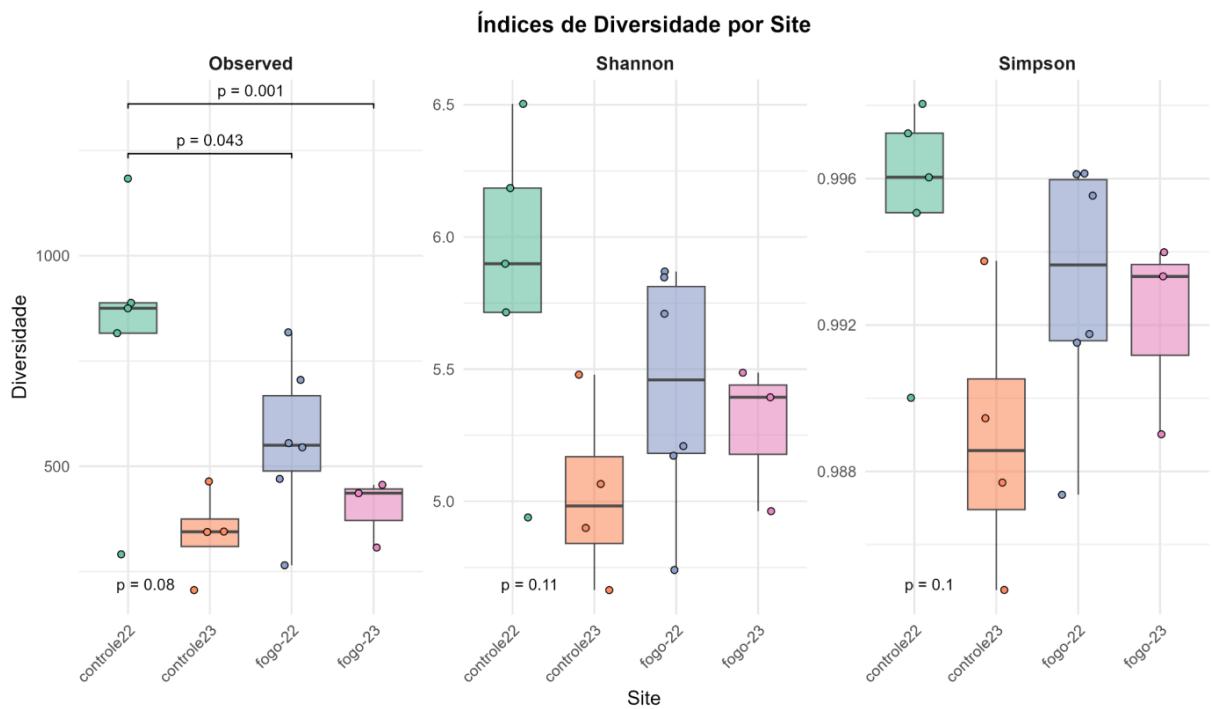


Figura 4: Índices de diversidade alfa das comunidades procarióticas do solo em diferentes tratamentos (áreas de controle e fogo).

Com base no gráfico, observa-se que a distribuição dos pontos nos boxplots dos índices de diversidade revela diferenças entre os grupos amostrados. O grupo controle22 se destacou por apresentar alta consistência entre as amostras, com os pontos concentrados em uma faixa nos três índices, indicando baixa variabilidade interna. A área de fogo-22 apresentou uma dispersão mais ampla dos dados, especialmente no índice Observed, sugerindo maior heterogeneidade microbiana. Nesse caso, a maior diversidade observada em fogo-22 pode estar relacionada ao maior tempo decorrido desde o distúrbio, indicando que o intervalo mais longo de recuperação contribuiu para a reestruturação e enriquecimento da comunidade microbiana. O grupo controle23 mostrou distribuição intermediária, com valores mais baixos e alguma variação entre as amostras, enquanto fogo-23 apresentou dispersão moderada, com alguns pontos afastados da mediana, o que indica a presença de amostras com menor diversidade. Esses padrões reforçam a diferença de estrutura entre os grupos e apontam para uma maior estabilidade e uniformidade

microbiana em controle22, em contraste com a variabilidade observada nas áreas queimadas e no controle23.

O teste de Kruskal-Wallis foi aplicado para avaliar diferenças na diversidade microbiana entre os quatro sites amostrados (Controle22, Controle23, Fogo-22, Fogo-23). Nenhum dos índices de diversidade avaliados apresentou diferença estatisticamente significativa entre os grupos: Shannon ($p = 0.115$), Simpson ($p = 0.104$) e número de ASVs observadas ($p = 0.080$).

Também foi realizada a análise da diversidade alfa microbiana, com base no índice de Shannon, considerando a profundidade do solo como fator de variação (Figura 5). Os resultados demonstram diferenças entre as áreas controle e queimadas, bem como entre as camadas superficiais e mais profundas. De maneira geral, a camada mais profunda do solo na área controle (controle22) apresentou os maiores valores de diversidade (índice de Shannon próximo a 6,2), sugerindo uma comunidade microbiana mais estável. Já a camada superficial (top) dessa mesma área exibiu uma leve redução na diversidade (em torno de 5,9), acompanhada por maior variabilidade entre as amostras, possivelmente refletindo maior exposição a variações ambientais. Esse padrão sugere que, em ambientes não perturbados, a profundidade contribui para a estabilidade microbiana, favorecendo comunidades mais estruturadas, possivelmente devido à proteção física contra estresses externos e ao acúmulo de matéria orgânica.

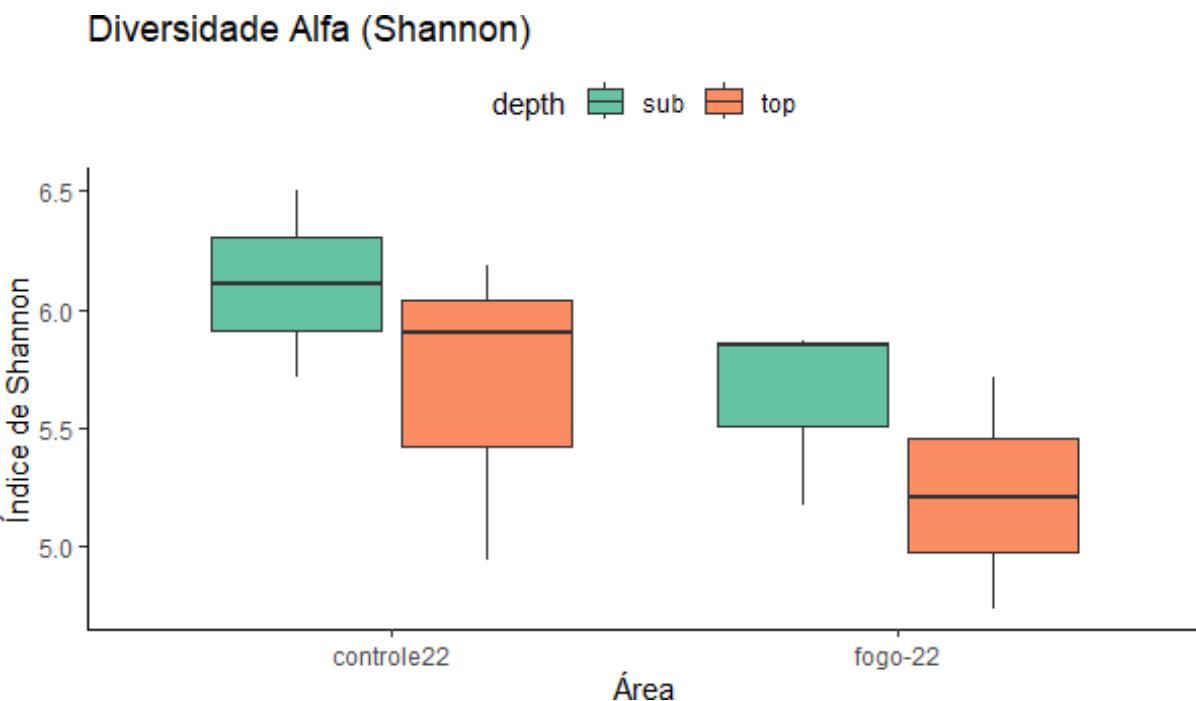


Figura 5: Índice de diversidade alfa (Shannon) em área controle e queimada, considerando diferentes profundidades superficiais (top) e profundas (sub).

Ao analisar a área afetada pelo fogo (fogo-22), foi observada uma redução geral na diversidade microbiana, nas duas profundidades, em relação ao controle. A camada superficial apresentou os menores índices (próximo de 5,3), o que pode estar associado aos efeitos diretos do fogo, como alta temperatura e alteração das propriedades físico-químicas do solo. Ainda que a camada mais profunda do solo queimado tenha mostrado índices ligeiramente superiores (próximo de 5,7), ela ainda permaneceu abaixo dos valores encontrados na área controle, sugerindo que os impactos do fogo atingem não apenas a superfície, mas também camadas mais protegidas, ainda que em menor intensidade.

Também foi aplicado o teste de Kruskal-Wallis pareado para verificar a existência de diferenças estatisticamente significativas entre dois ou mais grupos. A análise revelou que o número de ASVs observadas foi significativamente menor nas áreas queimadas (Fogo-22 e fogo-23) em comparação à área controle (controle22), com p-valores de 0,043 e 0,001, respectivamente. Esses resultados indicam uma redução estatisticamente relevante na riqueza microbiana associada à ação do fogo. Por outro lado, não foram observadas diferenças estatisticamente significativas nos índices de diversidade de Shannon e Simpson, embora tenham sido observados valores mais próximos do limiar de significância ($p > 0,05$) entre os dois sítios queimados ($p = 0,077$ para Shannon e $p = 0,074$ para Simpson). Esses achados sugerem que, embora o fogo reduza a riqueza microbiana, a diversidade geral e a dominância das comunidades permanecem relativamente estáveis, possivelmente devido à persistência de grupos mais resistentes ao fogo ou à rápida reestruturação das comunidades microbianas após a perturbação.

A análise de ordenação não-métrica por escalonamento multidimensional (NMDS) foi realizada com o objetivo de investigar visualmente possíveis diferenças na composição das comunidades microbianas entre áreas impactadas pelo fogo e suas respectivas áreas de controle. Foram feitas análises com os seguintes agrupamentos: Controle22 e 23; e Fogo-22 e 23 (Figura 6).

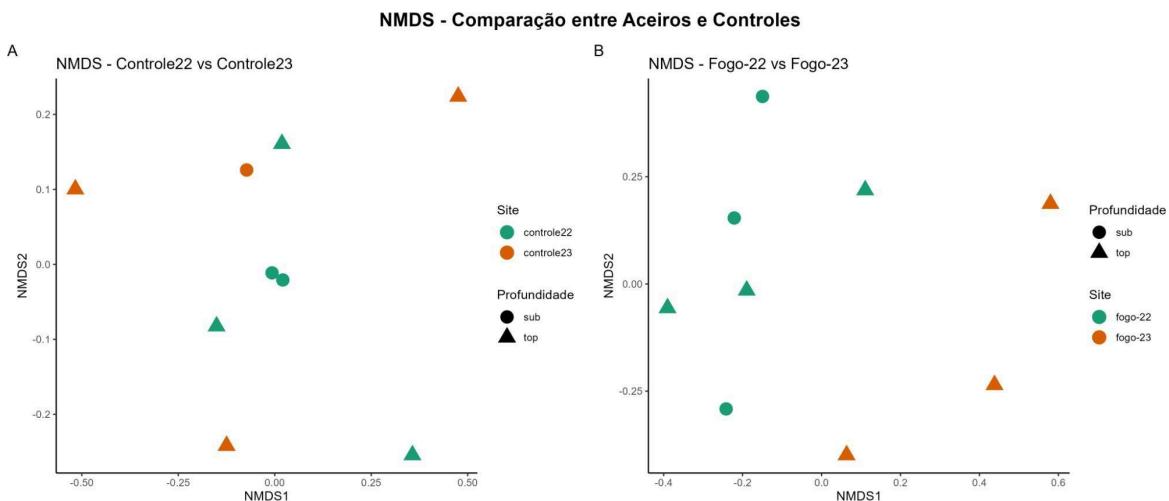


Figura 6: Análise de escala multidimensional não métrica (NMDS) da variação na composição microbiana entre os grupos em diferentes profundidades. (A) locais de controle22 e controle23. (B) diferentes locais de aceiros (Fogo-22 e Fogo-23).

Nos diagramas de NMDS dos sítios de controle (Controle22 e Controle23), observou-se uma dispersão considerável dos pontos, indicando variabilidade na composição microbiana entre as amostras. Essa heterogeneidade pode refletir diferenças naturais entre os locais, relacionadas a fatores edáficos ou microclimáticos. A análise estatística confirmou diferenças significativas entre os dois sítios (PERMANOVA: $p = 0,023$), sugerindo que, mesmo em ambientes não perturbados, há variações estruturais relevantes na microbiota do solo.

Entre os locais afetados pelo fogo (Fogo-22 e Fogo-23), foi observada uma separação mais evidente entre os grupos, indicando diferenças na estrutura das comunidades microbianas. A PERMANOVA confirmou essa distinção ($p = 0,011$), demonstrando que o fogo impactou de forma diferenciada cada área. Esse resultado reforça que os efeitos do fogo sobre a microbiota variam conforme as condições locais e o histórico de queima, com o tempo desde o distúrbio sendo um fator importante na reorganização da comunidade.

De modo geral, as análises indicam que a estrutura das comunidades microbianas apresenta variação tanto entre áreas controle quanto entre áreas queimadas, refletindo a influência combinada de fatores ambientais e do histórico de fogo sobre a composição do solo.

Também foi realizada uma Análise de Escalonamento Multidimensional Não Métrico (NMDS) para avaliar se houve mudanças na composição microbiana entre áreas afetadas pelo fogo e suas respectivas áreas de controle, considerando diferentes tempos desde o distúrbio (Figura 7).

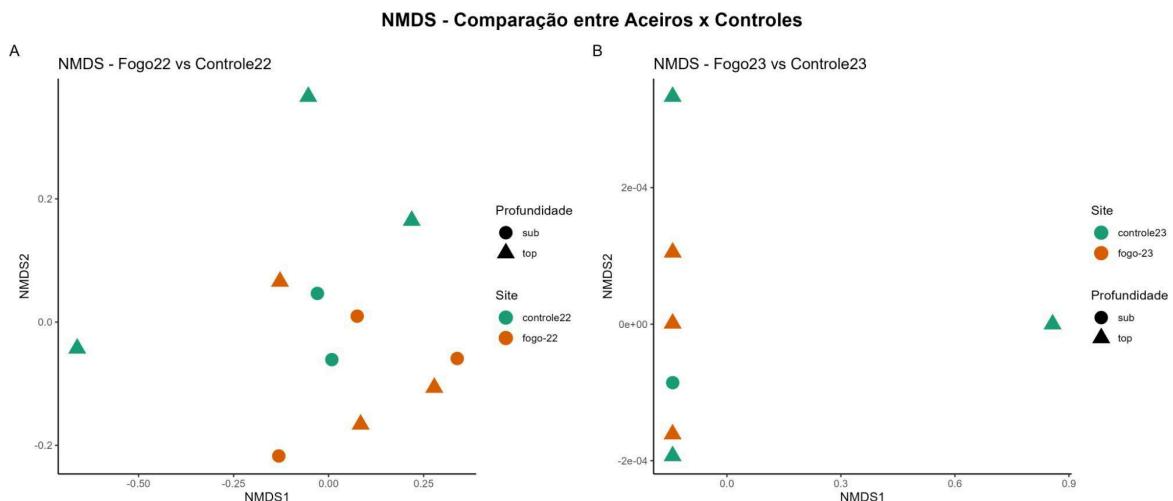


Figura 7: Análise de escala multidimensional não métrica (NMDS) da variação na composição microbiana. (A) Fogo-22 vs Controle22. (B) Fogo-23 vs Controle23.

Os gráficos de NMDS baseados na distância de Bray-Curtis revelam padrões distintos entre os dois pares de comparação. No comparativo entre os grupos Fogo-22 e Controle22 (A), observa-se uma leve separação entre os pontos representando as amostras de cada área, com uma tendência de distinção ao longo do eixo NMDS1. Apesar dessa sugestão visual de diferenciação na composição da comunidade, o teste estatístico não identificou diferença significativa entre os grupos (PERMANOVA $p = 0.171$), indicando que a variação observada pode ser atribuída à variabilidade intra-grupo ou a efeitos sutis não capturados estatisticamente. Ou até mesmo a um processo de recuperação da comunidade microbiana após 1 ano e meio de recuperação.

Por outro lado, a comparação entre Fogo-23 e Controle23 (B) revelou uma forte sobreposição entre os grupos, com todos os pontos concentrados em uma mesma região do gráfico NMDS, indicando similaridade na composição microbiana. Esse padrão foi confirmado estatisticamente, que indicou ausência de diferença significativa entre os grupos (PERMANOVA $p = 0.949$). Esses resultados sugerem que, na área correspondente a fogo-23, o fogo não provocou alterações detectáveis na estrutura da comunidade microbiana, ou que a microbiota já se encontra em estágio avançado de recuperação ecológica.

No geral, os dados apontam para uma resposta variável do solo às queimadas, com indícios de possível alteração em fogo-22, mas estabilidade

evidente em fogo-23. Tais diferenças podem refletir o tempo decorrido após o distúrbio, a intensidade do fogo, características do solo ou a resiliência das comunidades microbianas locais.

A análise de abundância diferencial (Figura 8) foi conduzida com o objetivo de identificar grupos microbianos com variações significativas de abundância entre as diferentes áreas amostradas (controle e queimadas), considerando o nível taxonômico de ordem. Essa abordagem permite detectar grupos que se destacam estatisticamente ($p < 0,05$) em cada área e podem atuar como indicadores de ambientes impactados ou conservados.

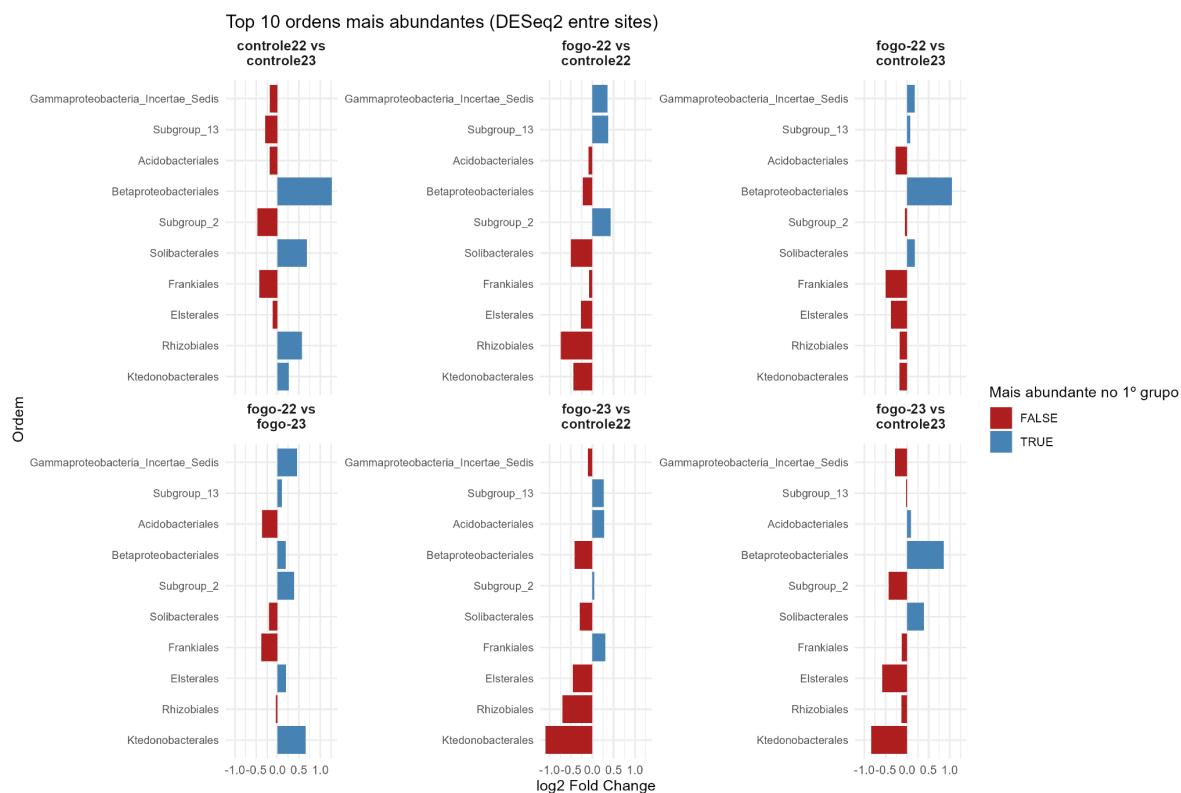


Figura 8: Análise de abundância diferencial DESeq2 top 10 ordens.

Na comparação entre Fogo-22 e controle22, observou-se maior abundância da ordem *Gammaproteobacteria_Incertae_Sedis* nas áreas queimadas (Fogo-22). Em contrapartida, as ordens *Rhizobiales* e *Solibacterales* foram mais abundantes nas áreas não queimadas (controle22), sugerindo uma possível associação dessas ordens com ambientes menos perturbados. De forma semelhante, na comparação entre Fogo-23 e controle23, as ordens *Betaproteobacteriales* e *Solibacterales* também se destacaram nas áreas queimadas (Fogo-23), enquanto *Elsterales* e *Ktedonobacterales* estiveram associadas às áreas de controle (controle23). Esse padrão reforça a consistência de resposta de certos grupos microbianos ao fogo, mesmo em locais distintos.

Ao comparar os dois controles (controle22 vs. controle23), verificou-se que Betaproteobacteriales e Solibacterales foram mais abundantes em controle22, o que aponta para variações naturais entre os solos, independentemente do efeito do fogo. Já em controle23, destacaram-se as ordens Frakiales e Acidobacteriales. A comparação entre as áreas queimadas (Fogo-22 vs. Fogo-23) revelou maior abundância de Gammaproteobacteria_Incertae_Sedis e Ktedobacterales em Fogo-22, enquanto Frakiales e Acidobacteriales foram mais expressivas em Fogo-23. Essas diferenças podem refletir variações na intensidade do fogo, no tempo desde o último evento de queima ou nas características físico-químicas do solo.

De forma geral, a análise revelou que as ordens Rhizobiales e Ktedobacterales tendem a ser mais abundantes em áreas de controle, o que pode indicar uma maior sensibilidade ao fogo e uma possível associação com solos ecologicamente mais estáveis. Por outro lado, a ordem Gammaproteobacteria_Incertae_Sedis foi consistentemente mais abundante em áreas queimadas, sugerindo uma potencial adaptação a ambientes perturbados.

A Análise de Valor Indicador, conhecida como IndVal, é uma análise estatística utilizada para identificar espécies que são indicadoras de determinados grupos ambientais. No contexto da microbiologia do solo, ela permite apontar quais microrganismos estão associados a ambientes com diferentes condições, como áreas queimadas e não queimadas, por exemplo.

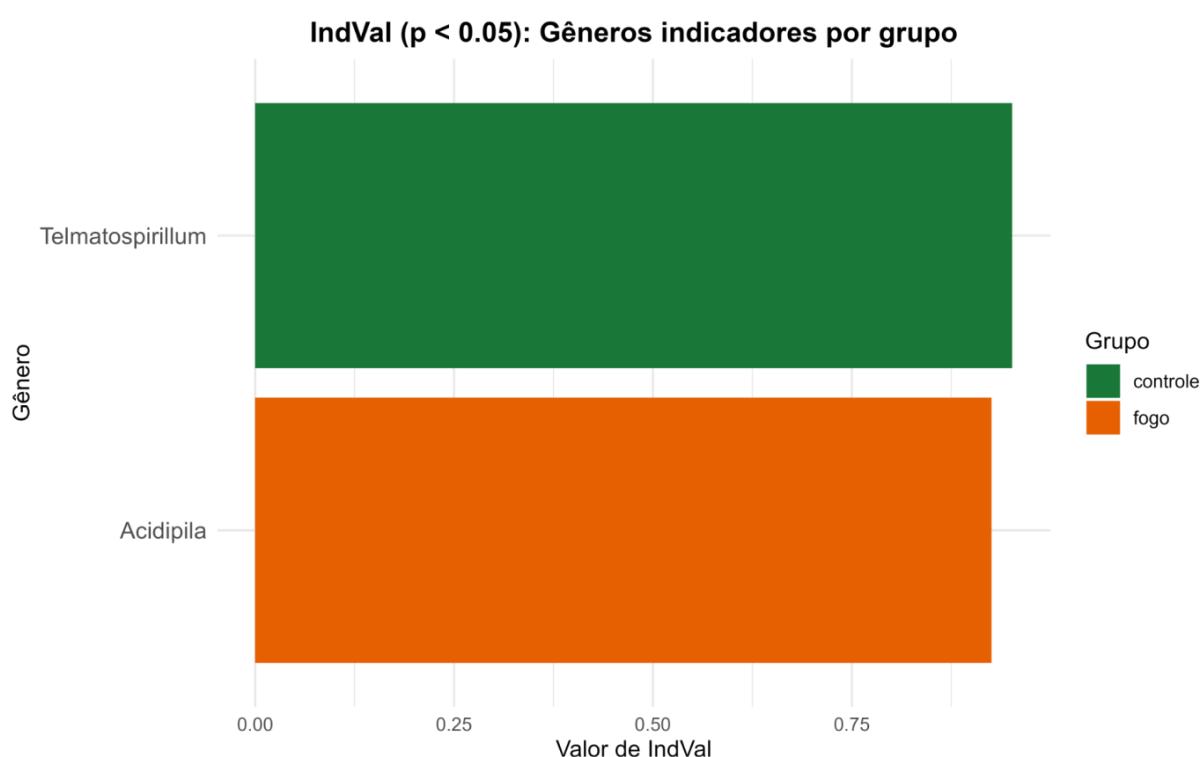


Figura 9: Análise de indicadores por grupos (IndVal).

A análise de IndVal (Figura 9) demonstrou que dois gêneros estão associados a grupos específicos de solo, especialmente em resposta às alterações nas propriedades físico-químicas do solo resultantes da ação do fogo, que por sua vez influenciam a composição e a estrutura das comunidades bacterianas. Essa abordagem é valiosa para compreender como comunidades microbianas se organizam, respondem a distúrbios e influenciam a recuperação do ecossistema. Os gêneros que apresentaram destaque foram: Acidipila ($\text{IndVal} = 0.93$, $p = 0.008$), associada principalmente às áreas queimadas, sugerindo uma possível resiliência ao distúrbio do fogo. Já o gênero *Telmatospirillum* ($\text{IndVal} = 0.95$, $p = 0.036$) foi associado à área de controle, indicando a possibilidade de ser um grupo relevante, tanto em solos preservados quanto em solos em estágios de recuperação.

DISCUSSÃO

1. Impacto do fogo na composição taxonômica do solo, predominância e papel ecológico dos filos dominantes em solos queimados

O padrão observado neste estudo parece estar associado não apenas à resistência fisiológica desses microrganismos às alterações físico-químicas provocadas pelo fogo, mas também ao papel ecológico funcional que desempenham na regeneração dos solos perturbados. Os resultados observados demonstram uma predominância de filos bacterianos como Acidobacteria, Actinobacteria e Proteobacteria nas áreas afetadas pelo fogo, corroborando achados de estudos realizados em contextos ecológicos distintos (Rascio et al., 2021; Arunrat et al., 2024; Zhou et al., 2020).

Os microrganismos presentes no solo após o incêndio não apenas sobrevivem ao evento térmico, mas também respondem rapidamente às novas condições, aproveitando a maior disponibilidade de nutrientes inorgânicos liberados pela combustão da matéria orgânica. Além disso, participam ativamente da ciclagem de nitrogênio e da degradação de matéria orgânica parcialmente queimada, contribuindo para a retomada da atividade biológica do solo (Fierer et al., 2005). O filo Firmicutes, por exemplo, apresentou aumento em sua presença nas áreas queimadas em comparação às áreas de controle, fenômeno também relatado em outros trabalhos (Enright et al., 2022). Esse incremento pode ser explicado pela capacidade de muitos de seus representantes, como *Bacillus* e *Paenibacillus*, de formar esporos resistentes ao calor, o que lhes permite sobreviver mesmo diante da escassez de água e nutrientes típicos dos solos pós-incêndio (Filippidou et al., 2016). Estudos em outros tipos de florestas confirmam esse padrão, relatando aumento expressivo de Firmicutes em solos queimados (Su et al., 2022), o que corrobora os resultados encontrados neste estudo.

A presença de Actinobacteria pode estar relacionado à sua habilidade de degradar compostos complexos liberados após a combustão da biomassa vegetal (Houfani et al., 2021). Sua tolerância à dessecação, associada à capacidade de formar estruturas resistentes, favorece sua permanência em ambientes perturbados (Behera et al., 2023). O filo Actinobacteria neste estudo apresentou uma leve queda nas áreas de fogo, em comparação às áreas de controle, mas ainda assim

apresentou-se consistente. Alguns representantes da Actinobacteria atuam como reguladores da composição da comunidade microbiana, facilitando o estabelecimento de outras espécies microbianas e de plantas em áreas de perturbação (Vieira et al., 2021).

Muitos microrganismos possuem habilidade para fixar nitrogênio, degradar compostos derivados da combustão, contribuindo diretamente para a estruturação física do solo e sua fertilidade (Lucas-Borja et al., 2019; Arunrat et al., 2025). Neste estudo, o filo Proteobacteria manteve dominância na área de fogo mais antiga (fogo-22) e declínio na área de fogo mais recente (fogo-23). Em alguns contextos, pode haver declínio de determinadas linhagens devido à sensibilidade às alterações no pH e à redução da matéria orgânica complexa (Enright et al., 2022). No entanto, em solos queimados onde há liberação de nutrientes solúveis e menor competição microbiana, observa-se a permanência ou mesmo o leve declínio de grupos com estratégias copiotróficas, como demonstrado por estudos recentes (Dove et al. 2022; Cutler et al., 2016).

O filo Chloroflexi, embora ainda pouco estudado no contexto do fogo, tem mostrado tendência de aumento em ambientes perturbados. Fatores como elevação do pH, acúmulo de cinzas e redução da umidade criam um cenário propício à proliferação de linhagens específicas (Meng et al., 2020). Neste estudo, observou-se que o filo Chloroflexi apresentou baixa abundância e manteve-se estável tanto na área de fogo mais antigo (fogo-22) quanto em sua respectiva área de controle (controle22), sem variações significativas, o que pode indicar um possível restabelecimento ou resiliência desse grupo microbiano. Algumas dessas linhagens possuem metabolismo anaeróbico facultativo e são capazes de degradar compostos resultantes da queima (West-Roberts et al., 2021; Ward et al., 2018). Sua persistência em ambientes com baixa disponibilidade de nutrientes e alta acidez indica uma possível atuação na manutenção da atividade microbiana em solos empobrecidos (Whitman et al., 2019).

A prevalência desses filos nas áreas queimadas evidencia um processo de filtragem ambiental promovido pelo fogo, no qual apenas microrganismos com atributos específicos, como resistência térmica, versatilidade metabólica e capacidade de reorganização comunitária, conseguem persistir. Essa filtragem é modulada pela intensidade e frequência dos incêndios. Distúrbios severos tendem a

simplificar a comunidade microbiana, enquanto eventos recorrentes e de menor intensidade podem favorecer a manutenção de microrganismos resilientes e funcional (Pérez-Valera et al., 2018; Certini et al., 2021).

Dessa forma, a composição taxonômica observada sugere não apenas uma resposta passiva de sobrevivência, mas sim uma seleção funcional adaptativa, em que prevalecem filos com papéis ecossistêmicos centrais para a recuperação ambiental. Ao desempenharem funções como ciclagem de nutrientes, degradação de resíduos, fixação biológica e estruturação do solo, esses microrganismos promovem a resiliência do ecossistema, facilitando os processos de sucessão biológica e a regeneração da vegetação nativa (Cheng et al., 2024).

2. Alterações na diversidade microbiana (Alfa diversidade)

Os efeitos do fogo sobre a diversidade microbiana do solo têm sido amplamente debatidos na literatura, especialmente em relação às métricas de diversidade alfa (Hou et al., 2025; Cheng et al., 2023). Neste estudo, os índices de diversidade alfa, ASVs observadas, Shannon e Simpson, foram analisados para diferentes áreas de amostragem (controle e queimadas), revelando uma tendência de redução na riqueza de espécies nas áreas afetadas pelo fogo, sobretudo nas camadas superficiais do solo.

A riqueza significativamente menor em fogo-22 e fogo-23 quando comparados a controle22, respectivamente, é um indicativo direto do impacto do fogo sobre a microbiota do solo, corroborando estudos prévios que demonstram que o fogo pode reduzir drasticamente a diversidade microbiana ao eliminar espécies mais sensíveis ao calor (Whitman et al., 2019).

Apesar da redução na riqueza (Observed), os índices baseados na dominância e equitabilidade (Shannon e Simpson) não apresentaram diferenças estatisticamente significativas entre as áreas ($p > 0,05$). Isso pode ser explicado pela sobrevivência de grupos microbianos mais resistentes ou também, refletir uma ocupação do nicho por outros grupos mais adaptados a esta condição e se encontravam em baixa abundância, o que permite manter a estrutura relativa da comunidade, compensando a perda de táxons menos abundantes. (Fultz et al.,

2016) observaram comportamento semelhante em solos florestais, sugerindo que a estrutura das comunidades pode permanecer relativamente estável após o fogo devido à resistência ou à rápida recolonização por táxons adaptados.

Além disso, o fato de não se observar uma dominância extrema de poucos grupos sugere que a estrutura funcional da comunidade microbiana pode ser em parte preservada, ainda que com uma composição diferente. Isso levanta hipóteses importantes sobre resiliência funcional e potencial de recuperação ecológica após distúrbios.

2.1 Efeitos da profundidade sobre a diversidade

A estratificação vertical do solo desempenha um papel fundamental na ecologia microbiana, e os resultados deste estudo sugerem que a profundidade modula os efeitos do fogo sobre a diversidade procariótica. Nas áreas de controle (controle22 e controle23), observou-se um padrão clássico: as camadas superficiais (top) apresentaram maior diversidade alfa quando comparadas às camadas mais profundas (sub). Esse padrão está alinhado com estudos anteriores que demonstram que a superfície do solo oferece condições ambientais mais favoráveis, como maior aporte de matéria orgânica, maior disponibilidade de oxigênio, umidade, e maior diversidade de nichos (Liu et al., 2024 ; Caiafa et al., 2023).

Por outro lado, na área queimada (fogo-22), o gradiente de diversidade entre as camadas do solo é alterado, com a camada superficial apresentando valores mais baixos de diversidade em comparação à camada mais profunda. Esse padrão sugere que as camadas superiores são mais suscetíveis ao estresse térmico causado pelo fogo, enquanto as camadas mais profundas atuam como refúgios térmicos, preservando parte significativa da diversidade microbiana (Qin & Liu., 2021). O padrão observado neste estudo, confirma a observação de Ferrenberg et al. (2013), que ressalta que a intensidade térmica do fogo diminui rapidamente com a profundidade, sendo os primeiros centímetros do solo os que absorvem a maior parte do calor.

Além da proteção física, as camadas mais profundas podem atuar como reservatórios microbianos, contendo populações latentes ou esporuladas que

resistem ao calor que posteriormente recolonizam a superfície (Liu et al., 2020). Essa dinâmica de refúgio e reestruturação é corroborada por (Palmer et al., 2023), que sugerem que a microbiota subsuperficial é crucial para a resiliência pós-fogo das comunidades microbianas do solo.

De forma geral, os resultados sugerem que o fogo tende a reduzir a diversidade de espécies, especialmente nas camadas superficiais, reforçando a ideia de que o distúrbio afeta principalmente os organismos mais expostos. Esses achados estão alinhados com estudos anteriores que demonstram a sensibilidade da biodiversidade às mudanças ambientais (Barreiro et al., 2021; Dove et al., 2017; Dove et al., 2021; Nelson et al., 2022). Essa distinção vertical reforça a importância de incluir o fator “profundidade” em análises ecológicas de impacto, especialmente em ecossistemas de fogo recorrente (Qin et al., 2021; Yang et al., 2024). O entendimento da interação entre profundidade e distúrbio térmico é essencial para prever trajetórias de recuperação e respostas funcionais das comunidades microbianas em solos tropicais afetados por queimadas.

2.2 Recuperação microbiana em função do tempo e do fogo

Ao considerar os efeitos do fogo na dinâmica microbiana do solo, torna-se essencial analisar não apenas a presença ou ausência de grupos taxonômicos, mas também como o tempo decorrido desde o distúrbio influencia os processos de recuperação. Nesse sentido, a comparação entre áreas queimadas em diferentes períodos permite observar de que forma o intervalo pós-fogo pode moldar a estrutura e a abundância das comunidades microbianas. Li et al. (2024) apontam que o tempo pós-distúrbio e a severidade do fogo são fatores-chave para a reestruturação das comunidades microbianas.

A partir dos nossos dados de abundância dos grupos mais representativos, observa-se que fogo-23 apresenta um perfil mais próximo visualmente das áreas controle, em comparação com fogo-22. Esse resultado contraria, em parte, a expectativa de que intervalos maiores desde o distúrbio resultam em comunidades mais semelhantes às condições pré-fogo, e sugere que a semelhança na composição microbiana não pode ser atribuída unicamente ao tempo decorrido desde o distúrbio, mas possivelmente a diferenças na severidade do fogo ou nas

condições ambientais locais, que podem ter favorecido uma reorganização microbiana diferente em fogo-23.

Nossa expectativa inicial era de que o tempo desde o fogo fosse um fator determinante na recuperação da abundância e diversidade microbiana, de forma que a área com maior intervalo pós-fogo (fogo-22) se aproximasse mais da comunidade encontrada nas áreas controle. Essa tendência foi parcialmente confirmada na análise de abundância, embora seja importante considerar que outros fatores, como diferenças na intensidade do fogo, características edáficas locais e eventos climáticos subsequentes, também podem modular a trajetória de recuperação (Ferrenberg et al., 2013; Pressler et al., 2019).

Assim, os resultados sugerem que a recuperação microbiana pós-fogo não é apenas em função do tempo decorrido, mas também da severidade do evento e do contexto ecológico local. No caso da Chapada Diamantina, a variabilidade espacial entre sítios queimados pode indicar uma resposta diferenciada à intensidade do fogo ou a variações ambientais, sugerindo que estudos futuros integrem métricas de severidade e propriedades físico-químicas do solo para melhor compreender os mecanismos de resiliência microbiana.

3. Estrutura das comunidades microbianas

A composição da comunidade microbiana do solo pode ser modificada por distúrbios ambientais, como o fogo, que afetam os padrões de beta diversidade. As análises de ordenação por NMDS e testes de PERMANOVA realizados neste estudo revelaram que a profundidade do solo ainda desempenha um papel estruturante relevante em áreas controle, mas que esse efeito é minimizado em locais queimados. Além disso, diferenças significativas entre os sítios fogo-22 e fogo-23 indicam que o impacto do fogo sobre a estrutura microbiana é fortemente modulado por características locais, como o tempo desde o fogo, intensidade da queima e propriedades edáficas.

Esses padrões destacam a complexidade da resposta microbiana ao fogo, que pode tanto reduzir a heterogeneidade vertical do solo quanto gerar comunidades distintas entre áreas queimadas, dependendo do histórico do distúrbio.
Estudos

prévios também observaram que o fogo pode induzir a uma homogeneização da composição microbiana (Ferrenberg et al., 2013), ao mesmo tempo em que promove mudanças nas condições físico-químicas do solo (Dooley et al., 2011).

3.1 Variabilidades entre locais queimados (Fogo-22 vs Fogo-23)

Os efeitos do fogo sobre comunidades microbianas do solo têm sido amplamente reconhecidos como complexos e heterogêneos. Embora em muitos casos o distúrbio reduza a diversidade e modifique a composição das comunidades, a magnitude e a direção dessas respostas variam de acordo com o ambiente e o histórico do fogo. Discussão sobre a variabilidade entre áreas queimadas é um tema recorrente na literatura. Whitman et al. (2019), por exemplo, mostraram que os efeitos do fogo em florestas boreais sobre comunidades bacterianas e fúngicas variaram significativamente entre locais, dependendo da severidade do fogo e das características do solo. De maneira semelhante, Xiang et al. (2014) encontraram respostas microbianas distintas em áreas afetadas por incêndios florestais de diferentes intensidades, com impactos durando anos após o distúrbio (Bárcenas-Moreno et al., 2011).

Neste estudo, a área de fogo-22 apresenta menor diferenciação entre amostras, sugerindo um padrão de homogeneização da microbiota ao longo da profundidade, pode estar em um estágio mais avançado de estabilização pós-fogo, ou ter sido exposto a um fogo mais intenso, que resultou em uma reorganização mais profunda da comunidade microbiana. Por outro lado, fogo-23 mostra sobreposição com sua área controle, sem diferenças estatisticamente significativas, esse padrão pode refletir um cenário de menor intensidade de distúrbio ou maior resiliência local, no qual as comunidades microbianas mantiveram uma composição semelhante à observada em áreas não queimadas.

Trabalhos como o de Dove et al. (2020) destacam que a recuperação da microbiota do solo após o fogo pode ser rápida em ambientes onde as comunidades microbianas têm maior resistência funcional ou onde as condições do solo favorecem o recrutamento de táxons resilientes. Portanto, os achados deste estudo sugerem que o fogo pode modular a estrutura microbiana de maneiras contrastantes entre áreas, e que uma abordagem contextualizada é essencial para interpretar os

impactos ecológicos do fogo. Essa variabilidade também reforça a necessidade de políticas de manejo e conservação que considerem as especificidades locais ao avaliar a resiliência dos solos em ambientes suscetíveis a queimadas.

4. Detecção de bioindicadores de ambientes perturbados

4.1 Grupos associados ao fogo

A identificação de bioindicadores microbianos é uma ferramenta essencial para compreender os impactos ecológicos do fogo sobre o solo, pois permite isolar táxons que respondem de forma consistente à perturbação. Com base nas análises de abundância diferencial (DESeq2) e de valor indicativo (IndVal), foi possível identificar grupos bacterianos tanto associados a áreas queimadas quanto sensíveis à presença de fogo, refletindo diferentes estratégias ecológicas e funções desempenhadas no ecossistema.

Entre os grupos que apresentaram maior abundância em áreas queimadas, destacam-se representantes das classes Proteobacteria e Acidobacteria. A *Gammaproteobacteria_Incertae_Sedis* apresentou maior abundância em áreas queimadas, particularmente nas comparações envolvendo fogo-22, o que pode indicar uma resposta oportunista a condições pós-distúrbio. Esse padrão, entretanto, não foi uniforme para fogo-23, reforçando que fatores como tempo pós-fogo ou intensidade do distúrbio podem modular a resposta desse grupo.

Grupos dentro de Gammaproteobacteria são associados à rápida resposta a recursos disponíveis, como compostos orgânicos liberados pela combustão da biomassa vegetal (Ammitzboll et al., 2021; Kersters et al., 2006). Sua abundância pode indicar uma fase inicial de recolonização microbiana e mineralização acelerada da matéria orgânica. *Betaproteobacteriales* apresentou abundância significativamente maior em fogo-23 em comparação com ambas as áreas de controle, segundo a análise de DESeq2. Esse aumento sugere que essa ordem pode responder positivamente às condições pós-fogo. O grupo de *Betaproteobacteriales* é conhecido por incluir bactérias com metabolismo versátil, capazes de se beneficiar da liberação de amônio, fosfato e outros compostos após

eventos de queima, o que pode contribuir para o crescimento de plantas no local (Cruz-Paredes et al., 2017; Mukhopadhyay et al., 2012; Kim et al., 2021).

Complementarmente, a análise de IndVal demonstrou que dois gêneros estão significativamente associados a grupos específicos de solo em resposta ao fogo, reforçando a utilidade dessa abordagem na detecção de bioindicadores: O gênero Acidipila foi identificado como associado exclusivamente às áreas queimadas, o que pode refletir sua resiliência ecológica e capacidade de colonização de solos perturbados. Esse gênero pertence à família Acidobacteriaceae e já foi descrito em solos ácidos sugerindo sua capacidade de metabolizar compostos orgânicos derivados da queima, como ácidos húmicos e fenóis. São capazes de reduzir nitrato a nitrito (Jiang et al., 2016; Kuramae et al., 2019; Dedysh et al., 2017).

Telmatospirillum (IndVal = 0.95, p = 0.036) mostrou-se associado às áreas controle sugerindo que pode se tratar de um táxon com papel funcional em ambientes estáveis e em regeneração. Essa característica o posiciona como um possível bioindicador de transição ecológica ou resistência funcional, o que é coerente com sua presença em ambientes úmidos e solos ricos em carbono dissolvido, condições que podem ocorrer após incêndios de baixa severidade (Sizova et al., 2007). Embora, não foram encontrados estudos que demonstrem este gênero relacionados a ambiente de fogo ou pós-fogo.

A presença desses gêneros reforça que certos microrganismos não apenas sobrevivem ao distúrbio, mas também desempenham papéis ecológicos fundamentais nos estágios iniciais de recuperação do solo, participando da ciclagem de nutrientes, degradação de resíduos orgânicos e reestruturação da comunidade microbiana. Assim, esses grupos podem ser considerados como bioindicadores que refletem comunidades adaptadas a condições de maior disponibilidade de carbono solúvel, acidificação local e alterações na estrutura da vegetação.

4.2 Grupos sensíveis ao fogo

Por outro lado, várias ordens apresentaram maior abundância em áreas controle, sugerindo sensibilidade à perturbação pelo fogo, sendo elas: Rhizobiales, associada a processos de fixação biológica de nitrogênio, essa, mostrou-se mais

abundante em área controle (controle22). A sensibilidade de Rhizobiales ao fogo tem sido documentada em diversos ecossistemas, já que muitas espécies dessa ordem estabelecem relações simbióticas com plantas, cuja mortalidade após o fogo pode interromper o ciclo de nitrogênio (Jesus et al., 2023; Garrido-Oter et al. 2018).

Ktedonobacterales, sua maior abundância nas áreas controle pode estar associada a solos com menor distúrbio térmico e microbiota mais estável. Estudos indicam que esses microrganismos desempenham funções no ciclo do carbono e apresentam crescimento lento, o que os torna vulneráveis a alterações bruscas do ambiente (Yabe et al., 2017).

Solibacterales, também mais abundante nas áreas não queimadas, essas ordens são típicas de solos ácidos e estáveis. Sua diminuição em áreas queimadas pode refletir a alteração das condições físico-químicas do solo e a redução de nichos ecológicos específicos. Embora pouco documentado em ambiente de fogo, pesquisas indicam que representantes desta ordem apresentam adaptação a diferentes condições ambientais, contribui para a decomposição de resíduos vegetais e o ciclo do carbono (Halamka et al., 2023). Essa composição indica que a exposição ao fogo reduz a diversidade de estratégias ecológicas presentes no solo, favorecendo grupos mais generalistas e resistentes, enquanto compromete grupos especializados em interações simbióticas e funções biogeoquímicas mais sensíveis às mudanças ambientais.

É importante destacar que os impactos sobre as comunidades microbianas do solo não decorrem apenas da ação direta do fogo, mas principalmente das alterações físico-químicas provocadas por ele. A combustão da biomassa vegetal modifica parâmetros essenciais do solo, como pH, teor de matéria orgânica, disponibilidade de nutrientes e umidade, criando um ambiente edáfico que influencia fortemente a estrutura e a função microbiana (Santos et al., 2021; Bertolino et al, 2022; Li et al., 2024) . Assim, o fogo atua como um agente mediador, transformando as condições do solo e, de forma indireta, moldando a composição e a dinâmica funcional das comunidades microbianas. Essas transformações favorecem grupos mais tolerantes e metabolicamente versáteis, enquanto reduzem a abundância de microrganismos sensíveis, resultando em uma reorganização ecológica do ecossistema subterrâneo.

CONCLUSÃO

Este estudo buscou compreender os possíveis efeitos do fogo sobre a diversidade, a composição e a estrutura das comunidades microbianas do solo em áreas de campos rupestres sob efeitos de aceiros negros da Chapada Diamantina. A partir da análise metagenômica de 18 amostras de solo, provenientes de áreas queimadas e não queimadas, foram identificados 30 filos, 64 classes, 129 ordens, 149 famílias e 213 gêneros distintos. Esses números podem indicar uma diversidade microbiana considerável mesmo em ambientes expostos a perturbações.

Os resultados sugerem que o fogo pode influenciar negativamente a riqueza microbiana, especialmente nas camadas mais superficiais do solo. Apesar disso, os índices de diversidade alfa (Shannon e Simpson) permaneceram relativamente semelhantes entre os grupos, o que pode apontar para uma reorganização da comunidade em torno de táxons mais tolerantes ao distúrbio. Também foi observado que a profundidade do solo pode ter um papel importante na distribuição da microbiota. Enquanto áreas controle apresentaram uma variação vertical mais clara, essa estrutura parece ter sido reduzida nas áreas queimadas, o que pode indicar certa homogeneização ao longo do perfil do solo, indicando um impacto direto da queima.

Do ponto de vista composicional, filos como Acidobacteria, Actinobacteria e Proteobacteria foram mais frequentes em todas as áreas amostradas, o que pode estar relacionado à sua capacidade de suportar ou se adaptar a ambientes mais extremos. Por outro lado, ordens como Rhizobiales, Ktedonobacterales e Solibacterales apareceram em maior abundância nas áreas controle, o que pode indicar uma sensibilidade maior a eventos de queima.

As análises de beta diversidade indicaram que a estrutura da comunidade microbiana parece responder de forma variável ao fogo, com distinções perceptíveis entre os locais queimados. A seleção das áreas fogo-22 (um ano e meio pós-fogo) e fogo-23 (quatro meses pós-fogo) foram estratégicas para avaliar como o tempo desde a última queimada influencia a recuperação das comunidades microbianas do solo. A comparação entre esses diferentes intervalos pós-fogo permitiu identificar estágios distintos do processo de reestruturação microbiana, revelando que, embora o fator temporal seja relevante, ele não atua isoladamente, e que, talvez, o intervalo

que temos no escopo do estudo seja insuficiente para ver tendências claras. Fatores como a severidade do evento e as condições ambientais posteriores se mostram igualmente determinantes para moldar as respostas microbianas. Assim, a resiliência microbiana nos campos rupestres da Chapada Diamantina se confirma como um processo complexo e multifatorial, cuja compreensão demanda considerar tanto o histórico de distúrbios quanto às particularidades ambientais de cada área.

Alguns gêneros bacterianos também se destacaram como potenciais bioindicadores. *Acidipila* foi significativamente mais encontrada nas áreas queimadas, o que pode indicar uma possível associação com ambientes perturbados. Já *Telmatospirillum* teve mais presença nas áreas de controle, o que levanta a hipótese de que sua ocorrência esteja relacionada a condições mais estáveis ou com menor impacto do fogo. Esses grupos, embora ainda pouco estudados em contextos de distúrbio, podem oferecer pistas sobre a recuperação e a resiliência dos solos após eventos de queima.

A recorrência de queimadas ao longo de décadas, e possivelmente séculos, na Chapada Diamantina pode ter atuado como um agente seletivo de longo prazo, favorecendo a adaptação ecológica das comunidades microbianas às condições impostas pelo fogo. Nesse cenário, é possível que a microbiota local tenha desenvolvido mecanismos de resiliência funcional, capazes de promover uma rápida reorganização das comunidades após os eventos de queima. Essa hipótese pode ser reforçada pela persistência de determinados grupos taxonômicos em áreas queimadas, o que sugere que a exposição recorrente ao distúrbio selecionou microrganismos adaptados a tolerar variações térmicas, mudanças na disponibilidade de nutrientes e oscilações de umidade. Dessa forma, as comunidades microbianas da Chapada Diamantina parecem não apenas responder ao fogo, mas talvez integrá-lo como um componente recorrente de seu regime ecológico, demonstrando um equilíbrio dinâmico entre perturbação e adaptação.

É importante destacar, no entanto, algumas limitações deste trabalho. O tempo disponível para o desenvolvimento da pesquisa e a falta de algumas informações específicas sobre os eventos de queimada, como por exemplo o tempo de duração do fogo, podem apresentar restrições à interpretação dos resultados. Por isso, os achados aqui apresentados devem ser compreendidos como tendências sugestivas, que podem orientar investigações futuras mais amplas.

Ainda assim, os dados sugerem que o fogo pode ter um papel importante na reorganização da microbiota do solo, afetando sua diversidade e composição. A identificação de táxons sensíveis, resistentes e possivelmente indicativos de distúrbio pode contribuir para futuras estratégias de monitoramento ecológico e manejo adaptativo de áreas naturais sujeitas ao fogo. Incorporar abordagens microbiológicas em estudos de conservação e restauração pode ampliar nossa compreensão sobre os impactos do fogo e sobre os caminhos possíveis para a recuperação de ecossistemas afetados.

REFERÊNCIAS

- AIREY LAUVAUX, Catherine; SKINNER, Carl N.; TAYLOR, Alan H. High severity fire and mixed conifer forest-chaparral dynamics in the Southern Cascade Range, USA. *Forest Ecology and Management*, v. 363, p. 74–85, mar. 2016.
- AMMITZBOLL, H.; JORDAN, G. J.; BAKER, S. C.; FREEMAN, J.; BISSETT, A. Diversity and abundance of soil microbial communities decline, and community compositions change with severity of post-logging fire. *Molecular Ecology*, v. 30, n. 10, p. 2434–2448, 1 maio 2021.
- ARMENTERAS, Dolors; GONZÁLEZ, Tania Marisol; RETANA, Javier. Forest fragmentation and edge influence on fire occurrence and intensity under different management types in Amazon forests. *Biological Conservation*, v. 159, p. 73–79, mar. 2013.
- ARUNRAT, N.; SANSUPA, C.; SEREENONCHAI, S.; HATANO, R. Short-term response of soil bacterial and fungal communities to fire in rotational shifting cultivation, northern Thailand. *Applied Soil Ecology*, v. 196, p. 105303, abr. 2024.
- ARUNRAT, N.; UTTAROTAI, T.; KONGSURAKAN, P.; SEREENONCHAI, S.; HATANO, R. Bacterial community structure in soils with fire-deposited charcoal under rotational shifting cultivation of upland rice in northern Thailand. *Ecology and Evolution*, v. 15, n. 2, p. e70851, 1 fev. 2025.
- BÁRCENAS-MORENO, G.; GARCÍA-ORENES, F.; MATAIX-SOLERA, J.; MATAIX-BENEYTO, J.; BÀATH, E. Soil microbial recolonisation after a fire in a Mediterranean forest. *Biology and Fertility of Soils*, v. 47, n. 3, p. 261–272, abr. 2011.
- BARREIRO, A.; DÍAZ-RAVIÑA, M. Fire impacts on soil microorganisms: mass, activity, and diversity. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, v. 22, p. 100264, ago. 2021.
- BATUT, B. et al. Building an amplicon sequence variant (ASV) table from 16S data using DADA2 (Galaxy Training Materials).
- BEHERA, S.; DAS, S. Potential and prospects of Actinobacteria in the bioremediation of environmental pollutants: cellular mechanisms and genetic regulations. *Microbiological Research*, v. 273, p. 127399, ago. 2023.
- BENFICA, N. S.; DA SILVA, D. P.; DELGADO, R. Dinâmica de áreas queimadas através de dados orbitais do sensor MODIS e influência climática no Parque Nacional da Chapada Diamantina. *Brazilian Journal of Development*, 2021.
- BERTOLINO, A. V. F. A.; MATTOS, B. S.; BERTOLINO, L. C. A influência do fogo nas propriedades de um solo sob manejo de agricultura de corte e queima em ambiente serrano no bioma de Mata Atlântica. *Sociedade & natureza*, v. 34, n. 1, 3 jun. 2022.
- BRASIL. Lei nº 14.944, de 31 de julho de 2024. Institui a Política Nacional de Manejo Integrado do Fogo e altera as Leis nºs 7.735, 12.651 e 9.605. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 1 ago. 2024.
- BRUNS, T. D.; CHUNG, J. A.; CARVER, A. A.; GLASSMAN, S. I. A simple pyrocosm for studying soil microbial response to fire reveals a rapid, massive response by

- Pyronema species. *PLoS One*, v. 15, n. 3, e0222691, 2020.
- CAIAFA, M. V. et al. Distinct fungal and bacterial responses to fire severity and soil depth across a ten-year wildfire chronosequence in beetle-killed lodgepole pine forests. *Forest Ecology and Management*, v. 544, p. 121160, set. 2023.
- CALLAHAN, B. J. et al. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, v. 13, n. 7, p. 581–583, jul. 2016.
- CALLAHAN, B. J. et al. Bioconductor workflow for microbiome data analysis: from raw reads to community analyses. *F1000Research*, v. 5, p. 1492, 24 jun. 2016.
- CERTINI, G. et al. The impact of fire on soil-dwelling biota: a review. *Forest Ecology and Management*, v. 488, p. 118989, maio 2021.
- CERTINI, G. Effects of fire on properties of forest soils: a review. *Oecologia*, v. 143, n. 1, p. 1–10, mar. 2005.
- CHENG, Z. et al. Variations in the diversity and biomass of soil bacteria and fungi under different fire disturbances in the taiga forests of northeastern China. *Forests*, v. 14, n. 10, p. 2063, 16 out. 2023.
- CHENG, Z. et al. Effect of forest fires on the alpha and beta diversity of soil bacteria in taiga forests: proliferation of rare species as successional pioneers. *Forests*, v. 15, n. 4, p. 606, 27 mar. 2024.
- CONCEIÇÃO, A. A.; PIRANI, J. R. Delimitação de habitats em campos rupestres na Chapada Diamantina, Bahia: substratos, composição florística e aspectos estruturais. *Boletim de Botânica*, v. 23, n. 1, p. 85, 3 jun. 2005.
- CRUZ-PAREDES, C. et al. Using community trait-distributions to assign microbial responses to pH changes and Cd in forest soils treated with wood ash. *Soil Biology & Biochemistry*, v. 112, p. 153–164, set. 2017.
- CUTLER, N. A. et al. Long-term recovery of microbial communities in the boreal bryosphere following fire disturbance. *Microbial Ecology*, v. 73, n. 1, p. 75–90, 18 ago. 2016.
- DE CÁCERES, M.; LEGENDRE, P. Associations between species and groups of sites: indices and statistical inference. *Ecology*, v. 90, n. 12, p. 3566–3574, dez. 2009.
- DEDYSH, S. N. et al. Defining the taxonomic status of described subdivision 3 Acidobacteria: proposal of Bryobacteraceae fam. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 67, n. 2, p. 498–501, fev. 2017.
- DODONOV, P. et al. Driving factors of small-scale variability in a savanna plant population after a fire. *Acta Oecologica*, v. 56, p. 47–55, abr. 2014.
- DONG, Y. et al. Co-occurrence pattern and function prediction of bacterial community in Karst cave. *BMC Microbiology*, v. 20, n. 1, p. 137, 2020.
- DOOLEY, S. R.; TRESEDER, K. K. The effect of fire on microbial biomass: a meta-analysis of field studies. *Biogeochemistry*, v. 109, n. 1, p. 49–61, 20 ago. 2011.
- DOVE, N. C.; HART, S. C. Fire reduces fungal species richness and in situ mycorrhizal

colonization: a meta-analysis. *Fire Ecology*, v. 13, n. 2, p. 37–65, 1 ago. 2017.

DOVE, N. C. et al. Fire alters plant microbiome assembly patterns: integrating the plant and soil microbial response to disturbance. *New Phytologist*, v. 230, n. 6, p. 2433–2446, 1 jun. 2021.

DOVE, N. C. et al. High-severity wildfire leads to multi-decadal impacts on soil biogeochemistry in mixed-conifer forests. *Ecological Applications*, v. 30, n. 4, p. e02072, 1 jun. 2020.

DOVE, N. C.; TAŞ, N.; HART, S. C. Ecological and genomic responses of soil microbiomes to high-severity wildfire: linking community assembly to functional potential. *The ISME Journal*, v. 16, n. 7, p. 1853–1863, jul. 2022.

ENRIGHT, D. J. et al. Mega-fire in redwood tanoak forest reduces bacterial and fungal richness and selects for pyrophilous taxa that are phylogenetically conserved. *Molecular Ecology*, v. 31, n. 8, p. 2475–2493, 1 abr. 2022.

FERRENBERG, S. et al. Changes in assembly processes in soil bacterial communities following a wildfire disturbance. *The ISME Journal*, v. 7, n. 6, p. 1102–1111, jun. 2013.

FIERER, N.; JACKSON, J. A.; VILGALYS, R.; JACKSON, R. B. Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 71, n. 7, p. 4117–4120, jul. 2005.

FILIPPIDOU, S. et al. A combination of extreme environmental conditions favor the prevalence of endospore-forming Firmicutes. *Frontiers in Microbiology*, v. 7, p. 223369, 3 nov. 2016.

FRECHES, A.; FRADINHO, J. C. The biotechnological potential of the phylum. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 90, n. 6, e0175623, 2024.

FULTZ, L. M. et al. Forest wildfire and grassland prescribed fire effects on soil biogeochemical processes and microbial communities: two case studies in the semi-arid Southwest. *Applied Soil Ecology*, v. 99, p. 118–128, mar. 2016.

FUNCH, R. R.; HARLEY, R. M.; FUNCH, L. S. Mapping and evaluation of the state of conservation of the vegetation in and surrounding the Chapada Diamantina National Park, NE Brazil. *Biota Neotropica*, v. 9, n. 2, p. 21–30, jun. 2009.

HALAMKA, T. A. et al. Production of diverse brGDGTs by Acidobacterium Solibacter usitatus in response to temperature, pH, and O₂ provides a culturing perspective on brGDGT proxies and biosynthesis. *Geobiology*, v. 21, n. 1, p. 102–118, 1 jan. 2023.

HILTEMANN, S. et al. Galaxy Training: A powerful framework for teaching! *PLoS Computational Biology*, v. 19, n. 1, e1010752, jan. 2023.

HINOJOSA, M. B. et al. Post-fire soil functionality and microbial community structure in a Mediterranean shrubland subjected to experimental drought. *The Science of the Total Environment*, v. 573, p. 1178–1189, dez. 2016.

HOLDEN, S. R.; TRESEDER, K. K. A meta-analysis of soil microbial biomass responses to forest disturbances. *Frontiers in Microbiology*, v. 4, p. 163, 20 jun. 2013.

HOU, L.; CHEN, J.; LIN, W. Impact of fire severity on soil bacterial community structure and its function in *Pinus densata* forest, Southeastern Tibet. *Forests*, v. 16, n. 6, p. 894, 26 maio 2025.

HOUFANI, A. A. et al. Actinobacterial strains as genomic candidates for characterization of genes encoding enzymes in bioconversion of lignocellulose. *Waste and Biomass Valorization*, v. 13, n. 3, p. 1523–1534, 19 out. 2021.

JESUS, J. G. et al. What if root nodules are a guesthouse for a microbiome? The case study of *Acacia longifolia*. *Biology*, v. 12, n. 9, p. 1168, 24 ago. 2023.

JIANG, Y.-W. et al. Acidipila dinghuensis sp. nov., an acidobacterium isolated from forest soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, v. 66, n. 1, p. 76–83, 1 jan. 2016.

KERSTERS, K. et al. Introduction to the Proteobacteria. In: *The Prokaryotes*. New York, NY: Springer New York, p. 3–37, 2006.

KIM, H.-S. et al. Diversity and composition of soil Acidobacteria and Proteobacteria communities as a bacterial indicator of past land-use change from forest to farmland. *The Science of the Total Environment*, v. 797, p. 148944, 25 nov. 2021.

KONINGER, J. Towards a reliable European assessment of soil biodiversity status under current land use changes. 2023.

KURAMAE, E. E.; ASSIS COSTA, O. Y. DE. Acidobacteria. In: *Reference Module in Life Sciences*. Elsevier, 2019.

LI, X. et al. Effects of wildfire on soil microbial communities in karst forest ecosystems of southern Guizhou Province, China. *Applied and Environmental Microbiology*, 20 nov. 2024.

LI, H.; SHU, Y.; WEI, J.; ZHAO, P.; ZHOU, M.; JIA, W. Changes in the soil microbial community structure and driving factors during post-fire recovery of the *Larix gmelinii* Rupr. Forest in northern China. *Forests*, v. 15, n. 4, p. 664, 5 abr. 2024.

LIESENFELD, M. V. A.; VIEIRA, G.; MIRANDA, I. P. de A. Ecologia do fogo e o impacto na vegetação da Amazônia. *Pesquisa Florestal Brasileira*, v. 36, n. 88, p. 505, 2017.

LIMA, C. C. U. DE; NOLASCO, M. C. Chapada Diamantina: a remarkable landscape dominated by mountains and plateaus. In: *World Geomorphological Landscapes*. Dordrecht: Springer Netherlands, p. 211–220, 2015.

LING, L. et al. Organic matter chemistry and bacterial community structure regulate decomposition processes in post-fire forest soils. *Soil Biology & Biochemistry*, v. 160, p. 108311, set. 2021.

LIU, G. et al. Vertical changes in bacterial community composition down to a depth of 20 m on the degraded Loess Plateau in China. *Land Degradation & Development*, v. 31, n. 10, p. 1300–1313, 1 jun. 2020.

LIU, G. et al. Microenvironment heterogeneity affected by anthropogenic

wildfire-perturbed soil mediates bacterial community in *Pinus tabulaeformis* forests. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, p. 1415726, 9 jul. 2024.

LIU, Y.-X. et al. A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. *Protein & Cell*, v. 12, n. 5, p. 315–330, 2021.

LOVE, M. I.; HUBER, W.; ANDERS, S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology*, v. 15, n. 12, p. 550, 2014.

LUCAS-BORJA, M. E. et al. Immediate fire-induced changes in soil microbial community composition in an outdoor experimental controlled system. *The Science of the Total Environment*, v. 696, p. 134033, 15 dez. 2019.

MCMURDIE, P. J.; HOLMES, S. phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PloS One*, v. 8, n. 4, p. e61217, 22 abr. 2013.

MENG, M. et al. Driving force of soil microbial community structure in a burned area of Daxing'anling, China. *Journal of Forestry Research*, v. 32, n. 4, p. 1723–1738, 9 out. 2020.

MAPBIOMAS Brasil. Área queimada no Brasil cresce 79 % em 2024 e supera os 30 milhões de hectares. Disponível em:

<https://brasil.mapbiomas.org/2025/01/22/area-queimada-no-brasil-cresce-79-em-2024-e-supera-os-30-milhoes-de-hectares/>. Acesso em: 20/06/ 2025.

MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Plano de Manejo do Parque Nacional da Chapada Diamantina. Brasília: ICMBIO/IBAMA, 2007.

MUKHOPADHYA, I. et al. IBD—what role do Proteobacteria play? *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, v. 9, n. 4, p. 219–230, 21 fev. 2012.

NELSON, A. R. et al. Wildfire-dependent changes in soil microbiome diversity and function. *Nature Microbiology*, v. 7, n. 9, p. 1419–1430, 25 ago. 2022.

NEVES, S. P. S.; CONCEIÇÃO, A. A. Campo rupestre recém-queimado na Chapada Diamantina, Bahia, Brasil: plantas de rebrota e sementes, com espécies endêmicas na rocha. *Acta Botanica Brasilica*, v. 24, n. 3, p. 697–707, 2010.

NEVES, S. P. S. et al. What are the most important factors determining different vegetation types in the Chapada Diamantina, Brazil? *Brazilian Journal of Biology*, v. 76, n. 2, p. 315–333, jun. 2016.

ORTEGA-VILLAR, R. et al. Isolation and characterization of thermophilic bacteria from a hot spring in the state of Hidalgo, Mexico, and geochemical analysis of the thermal water. *Microorganisms*, v. 12, n. 6, 24 maio 2024.

PALMER, B.; PIETRASIAK, N.; COBB, P.; LIPSON, D. Using simulated wildland fire to assess microbial survival at multiple depths from biocrust and bare soils. *Frontiers in Microbiology*, v. 14, p. 1123790, 17 mar. 2023.

PAUSAS, J. G. Evolutionary fire ecology: lessons learned from pines. *Trends in Plant Science*, v. 20, n. 5, p. 318–324, 2015.

função de microrganismos de solos do Cerrado. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2010. 29 p. (Documentos / Embrapa Cerrados, ISSN 1517-5111; ISSN online 2176-5081; 284).

PRESSLER, Y.; MOORE, J. C.; COTRUFO, M. F. Belowground community responses to fire: meta-analysis reveals contrasting responses of soil microorganisms and mesofauna. *Oikos*, v. 128, n. 3, p. 309–327, mar. 2019.

PROJETO MAPBIOMAS – Coleção 2025, da Série Anual de Mapas de Cobertura e Uso da Terra do Brasil.

QIN, Q.; LIU, Y. Changes in microbial communities at different soil depths through the first rainy season following severe wildfire in North China artificial *Pinus tabulaeformis* forest. *Journal of Environmental Management*, v. 280, p. 111865, 15 fev. 2021.

RASCIO, I. et al. Combined effect of laboratory-simulated fire and chromium pollution on microbial communities in an agricultural soil. *Biology*, v.10, n. 7, p.587, 26 jun. 2021.

SANTOS, R. A. F. DOS; SOARES, S. DA C.; SILVA, T. C. DA; SOUSA, G. G. DE; ZULIANI, D. Q.; BLUM, S. C. Queimada e usos do solo na atividade e biomassa microbiana. *Revista em Agronegócio e Meio Ambiente*, v. 14, n. Supl. 2, p. 1–13, 1 dez. 2021.

SILVEIRA, F. A. O. et al. Ecology and evolution of plant diversity in the endangered campo rupestre: a neglected conservation priority. *Plant and Soil*, v. 403, n. 1–2, p. 129–152, 2016.

SIZOVA, M. V. et al. Novel facultative anaerobic acidotolerant *Telmatospirillum siberiense* gen. nov., sp. nov. isolated from mesotrophic fen. *Systematic and Applied Microbiology*, v. 30, n. 3, p. 213–220, abr. 2007.

SU, W.-Q. et al. Recovery patterns of soil bacterial and fungal communities in Chinese boreal forests along a fire chronosequence. *The Science of the Total Environment*, v. 805, p. 150372, 20 jan. 2022.

SUN, H. et al. Bacterial community structure and function shift across a northern boreal forest fire chronosequence. *Scientific Reports*, v. 6, n. 1, p. 1–12, 30 ago. 2016.

VIEIRA, F. et al. Efeito da queimada sobre a atividade enzimática extracelular de cepas de actinobactérias isoladas de solo da região semiárida do Ceará. *Enciclopédia Biosfera*, v. 18, n. 38, 30 dez. 2021.

WARD, L. M. et al. Evolution of phototrophy in the Chloroflexi phylum driven by horizontal gene transfer. *Frontiers in Microbiology*, v. 9, p. 260, 19 fev. 2018.

WEST-ROBERTS, J. A. et al. The Chloroflexi supergroup is metabolically diverse and representatives have novel genes for non-photosynthesis based CO₂ fixation, 24 ago. 2021.

WHITMAN, T. et al. Soil bacterial and fungal response to wildfires in the Canadian boreal forest across a burn severity gradient. *Soil Biology & Biochemistry*, v. 138, p. 107571, nov. 2019.

XIANG, X. et al. Rapid recovery of soil bacterial communities after wildfire in a Chinese boreal forest. *Scientific Reports*, v. 4, n. 1, p. 1–8, 23 jan. 2014.

YABE, S. et al. Diversity of Ktedonobacteria with actinomycetes-like morphology in terrestrial environments. *Microbes and Environments*, v. 32, n. 1, p. 61–70, 31 mar. 2017.

YANG, M. et al. Effect of fire and post-fire management on soil microbial communities in a lower subtropical forest ecosystem after a mountain fire. *Journal of Environmental Management*, v. 351, p. 119885, fev. 2024.

ZAPPI, D. C. et al. Plant biodiversity drivers in Brazilian campos rupestres: insights from phylogenetic structure. *Frontiers in Plant Science*, v. 8, p. 317660, 2017.

ZHOU, X. et al. Wildfire effects on soil bacterial community and its potential functions in a permafrost region of Canada. *Applied Soil Ecology*, v. 156, p. 103713, dez. 2020.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A resposta das comunidades microbianas do solo ao fogo é determinante para compreender os processos de recuperação ecológica em ecossistemas naturais. Este estudo evidenciou mudanças na estrutura, composição e diversidade bacteriana, revelando grupos sensíveis e resistentes ao fogo. Esses resultados demonstram não apenas o impacto direto das queimadas sobre a microbiota edáfica, mas também o potencial de utilização de microrganismos como indicadores da integridade ecológica do solo.

A identificação de táxons como Rhizobiales e Ktedonobacterales entre os grupos mais sensíveis reforça que eventos de alta severidade podem comprometer funções-chave do solo, como a fixação de nitrogênio e a decomposição de matéria orgânica complexa. Por outro lado, ordens como Gammaproteobacteria_Incertae_Sedis e Betaproteobacterales demonstraram maior abundância em áreas queimadas, possivelmente refletindo estratégias oportunistas de colonização em ambientes com aumento temporário de nutrientes disponíveis. Bioindicadores específicos, como Acidipila (associado a áreas queimadas) e Telmatospirillum (associado a áreas controle), reforçam a utilidade de certos microrganismos como ferramentas diagnósticas do estágio de recuperação do solo.

Esses achados possuem aplicação prática direta: o monitoramento da presença ou ausência de bioindicadores pode auxiliar no diagnóstico precoce de degradação ou recuperação, orientando ações de manejo e restauração. Nesse contexto, a queima prescrita surge como uma estratégia preventiva relevante, especialmente quando realizada com baixa severidade e planejamento adequado. Essa prática pode reduzir a biomassa combustível acumulada e minimizar o risco de incêndios de alta intensidade, preservando a funcionalidade do solo e a diversidade microbiana.

No cenário dos campos rupestres da Chapada Diamantina, onde o fogo faz parte da dinâmica natural, o manejo racional do fogo pode contribuir para a manutenção do equilíbrio ecológico, o controle de espécies invasoras e a conservação dos ciclos biogeoquímicos. Incorporar análises microbianas aos protocolos de monitoramento e gestão dessas áreas representa um avanço importante para a ecologia da restauração, oferecendo suporte técnico e científico para políticas de conservação mais eficazes e integradas.