



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA**

ÉRIKA BEATRIZ DE LIMA CASTRO

**ESTUDO DO MICROBIOMA DA RIZOSFERA DE GENÓTIPOS
GENETICAMENTE DISTINTOS DE FEIJÃO-CAUPI**

**FORTALEZA
2025**

ÉRIKA BEATRIZ DE LIMA CASTRO

ESTUDO DO MICROBIOMA DA RIZOSFERA DE GENÓTIPOS GENETICAMENTE
DISTINTOS DE FEIJÃO-CAUPI

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia/Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de plantas.

Orientador: Profa. Dra. Cândida Hermínia Campos de Magalhães.
Coorientador: Prof. Dr. Wardsson Lustrino Borges.

FORTALEZA

2025

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas

Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

C353e Castro, Érika Beatriz de Lima.

Estudo do microbioma da rizosfera de genótipos geneticamente distintos de feijão-caupi / Érika Beatriz de Lima Castro. – 2025.

50 f. : il. color.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitotecnia), Fortaleza, 2025.

Orientação: Prof. Dr. Cândida Hermínia Campos de Magalhães.

Coorientação: Prof. Dr. Wardsson Lustrino Borges.

1. Microbioma do solo. 2. Melhoramento genético. 3. Interação planta-microrganismo. I. Título.

CDD 630

ÉRIKA BEATRIZ DE LIMA CASTRO

ESTUDO DO MICROBIOMA DA RIZOSFERA DE GENÓTIPOS GENETICAMENTE
DISTINTOS DE FEIJÃO-CAUPI

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia/Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de plantas.

Aprovada em 11 / 08 / 2025

BANCA EXAMINADORA

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

Prof. Dr. Wardsson Lustrino Borges (Coorientador)
Embrapa Agroindústria Tropical

Profa. Dra. Renata Fernandes de Matos
Universidade Federal do Ceará (UFC)

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

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus e a minha família, especialmente a minha mãe, Maria Elineide, e ao meu irmão, João Erick, por estarem ao meu lado me apoiando e incentivando. São pessoas muito importantes na minha vida.

À Embrapa Agroindústria Tropical, pela disponibilização das condições físicas e materiais para a realização de todos os experimentos.

À Universidade Federal do Ceará, pela oportunidade e formação, especialmente ao programa de pós-graduação em agronomia/fitotecnia.

Ao Prof. Dr. Wardsson Lustrino por todo o apoio, orientação e ensinamentos durante o meu período de mestrado e realização deste trabalho.

À Profa. Dra. Cândida Magalhães pela orientação e contribuições para a realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Arthur Prudêncio pelos ensinamentos em bioinformática e estatística, e disponibilidade para esclarecer as minhas dúvidas.

Aos amigos, pelo companheirismo e apoio para enfrentar as dificuldades ao longo do curso, o que tornou esses anos mais agradáveis, em especial à Leslyene Freitas, Gabrielly Alice, Jesimiel, Thalita, Itamar e Eveline.

Aos membros da Banca Examinadora, Profa. Dra. Renata Fernandes e Prof. Dr. Arthur Prudêncio, pelo tempo dedicado, pelas sugestões e valiosas contribuições para o aprimoramento do trabalho.

A todos que de alguma forma contribuíram para este trabalho e minha formação, o meu sincero agradecimento.

Muito obrigada.

RESUMO

A rizosfera se destaca por abrigar uma diversidade de microrganismos, sendo a região onde as plantas recrutam e nutrem microrganismos do solo que, em resposta, secretam vitaminas e estimulantes de crescimento para as plantas. A domesticação e o melhoramento das culturas, aliados à conversão de sistemas naturais em agrícolas, podem ter prejudicado as interações benéficas entre plantas e microrganismos. Diante disso, estudos sobre o microbioma de culturas importantes, como o feijão-caupi, podem ajudar na compreensão dos processos de formação e organização das comunidades microbianas, trazendo avanços para programas de melhoramento genético e a produção agrícola. O objetivo deste estudo foi caracterizar o microbioma associado à rizosfera de genótipos geneticamente distintos de feijão-caupi. Para isso, foi avaliado o relacionamento genético por meio de marcadores ISSR e o sequenciamento do microbioma da rizosfera. Os genótipos avaliados foram: duas cultivares biofortificadas em ferro e zinco (BRS Aracê e BRS Tumucumaque), uma linhagem (MNC 03-720-C-31) e duas variedades comumente utilizadas por agricultores familiares no estado do Ceará (Pingo de Ouro e Bengala). Os marcadores ISSR permitiram a separação dos genótipos em dois grupos distintos. O grupo 1 foi composto pelas variedades Pingo de Ouro e Bengala. O grupo 2 pelos cultivares BRS Tumucumaque e BRS Aracê e a linhagem MNC 03-720-C-31. Para riqueza e diversidade microbiana, observou-se diferença estatística entre os genótipos, sendo os maiores valores para a variedade Bengala e no cultivar BRS Aracê. Os genótipos de feijão-caupi apresentaram uma comunidade bacteriana semelhante na rizosfera, mas com o enriquecimento de grupos microbianos diferentes em cada genótipo. Por outro lado, não foi observado diferença estatística significativa entre os genótipos quanto estruturas das comunidades. A análise das interações microbianas revelou alterações na complexidade das redes, sendo que os genótipos Pingo de Ouro e BRS Tumucumaque apresentaram maior número de interações. A maior parte das interações microbianas observadas para o cultivar BRS Aracê foi positiva. Em relação ao perfil funcional das comunidades microbianas, observou-se que os genótipos BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31 e Pingo de Ouro apresentaram maior abundância de grupos relacionadas à fixação biológica de nitrogênio. Assim, conclui-se que o melhoramento do feijão-caupi não impacta significativamente a riqueza, diversidade e estrutura da comunidade microbiana, mas pode alterar a composição, as interações e as funções dos grupos bacterianos.

Palavras-chave: microbioma do solo; melhoramento genético; interação planta-microrganismo.

ABSTRACT

The rhizosphere stands out for harboring a diverse range of microorganisms and is the region where plants recruit and nourish soil microbes that, in return, secrete vitamins and growth stimulants beneficial to plants. Crop domestication and breeding, along with the conversion of natural systems into agricultural ones, may have impaired these beneficial plant–microbe interactions. In this context, studies on the microbiome of important crops, such as cowpea, can help in understanding the processes involved in the formation and organization of microbial communities, contributing to advances in plant breeding programs and agricultural production. This study aimed to characterize the microbiome associated with the rhizosphere of genetically distinct cowpea genotypes. The genetic relationship was assessed using ISSR markers and the microbiome was sequenced. The genotypes evaluated were: two biofortified cultivars enriched in iron and zinc (BRS Aracê and BRS Tumucumaque), one breeding line (MNC 03-720-C-31), and two varieties commonly used by smallholder farmers in the state of Ceará (Pingo de Ouro and Bengala). The ISSR markers allowed the separation of genotypes into two distinct groups. Group 1 included the varieties Pingo de Ouro and Bengala, while Group 2 comprised the cultivars BRS Tumucumaque and BRS Aracê and the breeding line MNC 03-720-C-31. Statistical differences in microbial richness and diversity were observed among genotypes, with the highest values found in the variety Bengala and the cultivar BRS Aracê. The cowpea genotypes showed similar bacterial communities in the rhizosphere, but with different microbial groups enriched in each genotype. However, no significant statistical differences were observed among genotypes in terms of community structure. Microbial interaction analysis revealed differences in network complexity, with genotypes Pingo de Ouro and BRS Tumucumaque showing a greater number of interactions. Most of the microbial interactions observed in the cultivar BRS Aracê were positive. The functional profile of microbial communities of the genotypes BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31, and Pingo de Ouro showed a greater abundance of groups related to biological nitrogen fixation. Concluded that cowpea breeding does not significantly affect the richness, diversity, or structure of the microbial community but may influence the composition, interactions, and functions of bacterial groups.

Keywords: soil microbiome; plant breeding; plant–microorganism interaction.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Genótipos de feijão-caupi	22
Figura 2 - Genealogia dos cultivares (A) BRS Tumucumaque e (B) BRS Aracê.	23
Figura 3 - Sequência para obtenção das amostras para sequenciamento.	25
Figura 4 - Dendrograma de dissimilaridade genética entre genótipos de feijão-caupi, construído com uso do coeficiente de Jaccard e algoritmo UPGMA.....	27
Figura 5 - Diversidade e riqueza taxonômica de ASV das comunidades bacterianas da rizosfera de cinco genótipos de feijão-caupi, baseado no gene 16S rRNA. As linhas indicam a comparação dos tratamentos e o “*” significa diferença estatística entre os tratamentos com base no teste Kruskal-Wallis ($p < 0,05$).....	28
Figura 6 - Diagramas de Venn mostrando as ASVs exclusivas e compartilhadas entre (A) genótipo Bengala, e (B) rizosfera de diferentes genótipos de feijão-caupi.....	29
Figura 7 - Composição taxonômica das comunidades bacterianas na rizosfera de diferentes genótipos de feijão-caupi no nível de filo e gênero com base no gene 16S rRNA. (A) Composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 11 filos mais abundantes. (B) Composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 15 gêneros mais abundantes. (C) Composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 10 gêneros mais abundantes do filo Proteobacteria	30
Figura 8 - Estrutura das comunidades bacterianas da rizosfera de cinco genótipos de feijão-caupi baseado no gene 16S rRNA, com base na análise de coordenadas principais.....	32
Figura 9 - Método de classificação multinomial de espécies (CLAM) para especialização de espécies em genótipos de feijão-caupi. Os tratamentos avaliados: (A) Bengala e BRS Aracê, (B) Bengala e Pingo de Ouro, (C) Bengala e MNC 03-720-C-31 e (D) Bengala e BRS Tumucumaque. A proporção de generalistas, especialistas e raros está apresentada nos gráficos.	33
Figura 10 - Análise de redes das comunidades bacterianas na rizosfera de diferentes genótipos de feijão-caupi, com base no gene 16S rRNA. Cada conexão representa uma correlação de Spearman com magnitude $> 0,9$ (correlação positiva – arestas azuis) ou $< -0,9$ (correlação negativa – arestas vermelhas) e estatisticamente significativa ($P \leq 0,01$). Cada nó representa um táxon em nível de ASV, sendo que o tamanho do nó é proporcional ao número de conexões.	34
Figura 11 - Mapa de calor das funções metabólicas e ecológicas de bactérias com base no banco de dados FAPROTAX entre diferentes genótipos de feijão-caupi. As amostras foram agrupadas de acordo com base na distância euclidiana. Cores diferentes indicam a abundância relativa em	

cada amostra, a cor vermelha representa funções com menor abundância na amostra e a cor azul indica funções com maior abundância. 36

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Características dos genótipos de feijão-caupi.....	22
Tabela 2 - Propriedades das redes microbianas da rizosfera dos genótipos de feijão-caupi.	35

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO.....	12
2.	OBJETIVOS.....	14
2.1.	Objetivo geral.....	14
2.2.	Objetivos específicos	14
3.	REFERENCIAL TEÓRICO.....	15
3.1.	Feijão-caupi: características gerais, produção e aspectos benéficos	15
3.2.	Interação entre plantas e microrganismos	17
3.3.	Influência do melhoramento genético no microbioma do solo	18
4.	MATERIAL E MÉTODOS.....	22
4.1.	Caracterização do material genético vegetal.....	22
4.2.	Avaliação do microbioma associado a rizosfera.....	24
4.3.	Processamento dos dados	25
4.4.	Análises estatísticas.....	25
5.	RESULTADOS.....	27
5.1.	Caracterização genética por marcador ISSR.....	27
5.2.	Diversidade das comunidades bacterianas	27
5.3.	Composição das comunidades bacterianas	29
5.4.	Estrutura e interações das comunidades bacterianas	31
5.5.	Perfil funcional das comunidades bacterianas	35
6.	DISCUSSÃO	37
6.1.	Caracterização genética por marcador ISSR.....	37
6.2.	Diversidade das comunidades bacterianas	37
6.3.	Composição das comunidades bacterianas	38
6.4.	Estrutura e interações das comunidades bacterianas	39
6.5.	Perfil funcional das comunidades bacterianas	41
7.	CONCLUSÃO.....	43
	REFERÊNCIAS	44

1. INTRODUÇÃO

Os microrganismos desempenham papéis cruciais para a fertilidade do solo, sequestro de carbono e na ciclagem de nutrientes no solo (FIERER, 2017). Na decomposição da matéria orgânica estão envolvidos na quebra de compostos orgânicos complexos resultando na liberação de nutrientes que são absorvidos pelas plantas (GRYTA; FRAC; OSZUST, 2020). A rizosfera é a região do solo ao redor das raízes onde ocorre a interação das plantas com os microrganismos (DINI-ANDREOTE, 2020), sendo uma área afetada pelo metabolismo das plantas (CHAUHAN et al., 2023). Essa interação ocorre por meio do recrutamento de microrganismos do solo através da exsudação de carbono, compostos bioativos e de nutrientes (DINI-ANDREOTE, 2020). Os microrganismos utilizam esses exsudatos ricos em carbono como fonte de energia (VANDENKOORNHUYSE et al., 2015). Por meio dos exsudatos, as plantas se comunicam com os microrganismos para melhorar a aquisição de nutrientes, aumentar a tolerância a estresses abióticos e bióticos, melhorando o desempenho de forma geral (ARAUJO et al., 2025). Diante disso, a interação de planta com microrganismos é essencial para o funcionamento do ecossistema (CHAUHAN et al., 2023).

O desenvolvimento da agricultura através da domesticação de culturas importantes (GOPAL; GUPTA, 2016), aliada à transição de sistemas naturais para agrícolas, pode ter alterado as interações benéficas entre plantas e microrganismos (PÉREZ-JARAMILLO; MENDES; RAAIJMAKERS, 2016). Plantas selvagens evoluíram selecionando e recrutando microrganismos benéficos do solo (GOPAL; GUPTA, 2016). Entretanto, essa associação foi alterada durante a domesticação e melhoramento das plantas cultivadas, pois, tradicionalmente, as plantas têm sido melhoradas alterando o fenótipo, mas com pouca consideração das interações com os organismos ao seu redor (WEI; JOUSSET, 2017). Entretanto, identificar evidências que comprovem e expliquem as mudanças no microbioma da rizosfera atribuídas à domesticação ou melhoramento de plantas é difícil, pois há vários fatores que podem influenciar a composição do microbioma, como espécie, genótipo, estágio de desenvolvimento, exsudatos radiculares, tipo de solo e manejo da cultura (DWIVEDI et al., 2025).

Albuquerque et al. (2022) avaliaram comunidades bacterianas de duas linhagens africanas e duas cultivares de feijão-caupi, geneticamente relacionadas para avaliar o efeito do melhoramento. Os resultados não constataram diferenças na diversidade da comunidade bacteriana na rizosfera entre os genótipos, mas houve o enriquecimento de grupos microbianos específicos e espécies-chave. Dessa forma, os autores observaram que, apesar da relação genética entre os genótipos, o processo de melhoramento genético afeta a comunidade da

rizosfera, reduzindo a complexidade das interações entre os grupos. Recentemente, Brito et al. (2025a) avaliaram o impacto do melhoramento genético em comunidades bacterianas de diferentes genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*), utilizando dois genótipos parentais e duas gerações segregantes. O estudo demonstrou que o melhoramento de feijão-fava alterou a estrutura das comunidades bacterianas, principalmente nas gerações mais avançadas. Além disso, os autores observaram uma redução na similaridade microbiana em comparação aos genótipos parentais, além de uma intensificação das interações de táxons específicos na rizosfera, resultando em uma rede microbiana mais complexa influenciada pelo melhoramento da espécie.

Diante disso, embora a importância do microbioma da planta no funcionamento do ecossistema das plantas seja reconhecida, abordagens tradicionais de melhoramento de plantas não levam em consideração o seu microbioma (MENDES et al., 2018). Assim, compreender os processos de formação e organização das comunidades microbianas associadas às raízes pode trazer avanços significativos para futuros programas de melhoramento genético. Dessa forma, estudos que envolvam o microbioma associado a culturas de grande relevância agrícola, como o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.), podem oferecer novas perspectivas para o melhoramento genético e a produção agrícola. Assim, levanta-se a hipótese de que as diferenças no genoma de plantas melhoradas de feijão-caupi exercem uma pressão seletiva sobre o microbioma. Este estudo está associado aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) das Nações Unidas (2016) número 15, intitulado “Vida Terrestre”, que visa promover o uso sustentável dos ecossistemas terrestres e a conservação da biodiversidade.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Caracterizar o microbioma associado a rizosfera de genótipos geneticamente distintos de feijão-caupi.

2.2. Objetivos específicos

1. Realizar a caracterização genética dos genótipos de feijão-caupi.
2. Caracterizar o microbioma de genótipos tradicionais e melhorados de feijão-caupi.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1. Feijão-caupi: características gerais, produção e aspectos benéficos

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* [L.] Walp) é uma leguminosa (Fabaceae) originária da África, que foi introduzida no Brasil pelos colonizadores portugueses, inicialmente no estado da Bahia e posteriormente disseminada para outros estados do país (FREIRE FILHO, 1998). Trata-se de uma planta diploide ($2n = 22$) com genoma estimado em 620 Mbp (*Megabase pairs*) (BOUKAR et al., 2019). Devido ao seu alto índice de autofecundação ($\geq 95\%$), apresenta uma base genética estreita (BOUKAR et al., 2020). A autofecundação é facilitada devido aos órgãos reprodutivos serem bem protegidos pelas pétalas, ocorrência de protoginia e de cleistogamia (FREIRE FILHO; RIBEIRO, 2023). Embora apresente baixa taxa de cruzamento natural, que varia em função do ambiente e do genótipo, ainda assim tem permitido a geração de um elevado número de materiais genéticos distintos (FREIRE FILHO; RIBEIRO, 2023), compondo o germoplasma nacional. O germoplasma brasileiro atualmente é composto por materiais tradicionais (crioulas, tradicionais) e melhorados (cultivares e linhagens) (FREIRE FILHO et al., 2011).

O feijão-caupi apresenta materiais genéticos com hábitos de crescimento determinado ou indeterminado, podendo apresentar porte ereto, semiereto, semiprostrado e prostrado (IBPGR, 1983). Apresenta uma raiz principal robusta, com raízes laterais bem desenvolvidas (NGALAMU; ODRA; TONGUN, 2015). O caule pode ser liso, estriado, com pelos e pigmento roxo; a folha é composta e contém dois folíolos laterais assimétricos e um folíolo terminal simétrico (DO VALE et al., 2017). A inflorescência pode ser simples ou composta, com flores que podem variar a cor entre branco, rosa e violeta (DO VALE et al., 2017). As vagens podem ser classificadas conforme o crescimento, podendo ser acima, entre ou abaixo da folhagem (NGALAMU; ODRA; TONGUN, 2015). A cor, tamanho e forma das vagens e sementes variam de acordo com o genótipo. Além disso, a cor do tegumento possui uma ampla variabilidade de cores, podendo apresentar uma cor uniforme ou mais de cor, textura liso ou rugoso, apresentar brilho ou opacidade (COSTA, 2023).

Trata-se de uma planta anual, de ciclo curto, tolerante a condições de baixa disponibilidade hídrica, solos de baixa fertilidade (ARAÚJO et al., 2019c) e regiões de altas temperaturas (CAMARA et al., 2018), é capaz de realizar associação simbiótica com bactérias fixadoras de nitrogênio (JI et al., 2019), contribuindo para o aumento da disponibilidade de nitrogênio no solo (NKOMO; SEDIBE; MOFOKENG, 2021). Essas características a tornam

uma cultura de grande importância social e econômica (SILVA et al., 2019) amplamente cultivada na África, na América do Sul, na Ásia e nos Estados Unidos (XIONG et al., 2016).

No Brasil, sua produção e relevância concentram-se na região Nordeste, sendo uma importante fonte de alimento e renda para as famílias locais (ARAÚJO et al., 2019c). De acordo com a Conab (2024), o Brasil possui atualmente cerca de 1,2 milhões de hectares plantados com feijão-caupi, com uma produção total de 691,8 mil toneladas nas três safras do ano de 2023/24. Os principais produtores estão nas regiões Nordeste e Centro-Oeste, com destaque para o estado da Bahia (156,7 mil toneladas) e o Ceará (120,4 mil toneladas), seguidos pelo estado do Mato Grosso (101,6 mil toneladas). Esses dados mostram como o investimento e a valorização dessa cultura está se expandindo para outros estados. Isso ocorre, principalmente, devido a boa adaptação do feijão-caupi às condições edafoclimáticas dessas regiões (CAMARA et al., 2018), ao desenvolvimento de novas cultivares e ao uso da tecnologia.

O feijão-caupi pode ser comercializado na forma de grãos secos, grãos imaturos e sementes (SILVA et al., 2018). Embora o consumo do grão seco seja o mais comum, outras estruturas do feijão-caupi também podem ser consumidas, como as vagens verdes e as folhas (PASQUET; FELEKE; GEPTS, 2021), além do uso das sementes para preparo de farinhas (SILVA et al., 2018). O feijão-caupi apresenta um alto valor nutritivo, contendo em sua composição carboidratos (63%), proteínas (25%), fibras alimentares, minerais (Fe e Zn) e vitaminas (folato, tiamina e riboflavina) e baixo teor de gordura (1,5%) (OLIVEIRA et al., 2021; XIONG et al., 2016). A composição química e as propriedades nutricionais variam conforme o cultivar (SILVA et al., 2019). Os cultivares BRS Juruá, BRS Aracê, BRS Xiquexique e BRS Tumucumaque são biofortificados ricos em ferro e zinco (FREIRE FILHO et al., 2011). Portanto, o consumo diário de feijão-caupi pode ser uma excelente adição à dieta, contribuindo para suprir as necessidades de macro e micronutrientes (SILVA et al., 2019), sendo um importante aliado no combate a fome oculta ou desnutrição.

O feijão-caupi é capaz de interagir e estabelecer relações benéficas com bactérias fixadoras de nitrogênio (MELO et al., 2022). Essas bactérias pertencem ao filo Proteobacteria, e alguns dos gêneros capazes de realizar essa simbiose incluem *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Sinorhizobium* e *Mesorhizobium* (MUKHTAR et al., 2020). Estudos mostram que o feijão-caupi também estabelece interações benéficas com bactérias de outros filos, como Bacteroidetes, Actinobacteria, Firmicutes, Acidobacteria, Chloroflexi e Planctomycetes (ARAUJO et al., 2019a; LEITE et al., 2017). A interação entre o feijão-caupi e esses microrganismos é importante para a saúde e sobrevivência da planta, pois essas bactérias estão envolvidas na promoção do crescimento vegetal, resistência ao estresse ambiental, aumento da formação de

nódulos e proteção contra patógenos (HASSEN et al., 2025).

3.2. Interação entre plantas e microrganismos

O solo é um ecossistema que abriga elevada diversidade de bactérias, archaea, vírus, fungos e protozoários, compondo o microbioma do solo (JANSSON; HOFMOCKEL, 2020). Esses microrganismos desempenham um papel fundamental na formação do solo, na supressão de patógenos, na solubilização e na aquisição de nutrientes (KUMAR; DUBEY, 2020). O microbioma pode ser estudado a partir do solo (*bulk* e rizosférico), rizosfera (endorizosfera, rizoplano e ectorizosfera), e estruturas vegetais (filosfera e sementes). O *bulk soil* é a região que não é influenciada diretamente pela exsudação das raízes das plantas (ROUT, 2014). A rizosfera é a região influenciada diretamente pela exsudação das raízes das plantas (VANDENKOORNHUYSE et al., 2015). A endorizosfera refere-se a região do córtex da raiz e a endoderme (BRAHMAPRAKASH et al., 2017). O rizoplano refere-se à superfície das raízes das plantas (ROUT, 2014), colonizado por microrganismos firmemente aderidos à superfície das raízes (VANDENKOORNHUYSE et al., 2015). A ectorizosfera é a região ao redor da raiz (LYNCH; LEIJ, 2012), se estendendo do rizoplano até o solo (BRAHMAPRAKASH et al., 2017). A filosfera refere-se à superfície das folhas das plantas (LIU; BRETELL; SINGH, 2020).

Dentre os microrganismos encontrados no solo, as bactérias e os fungos geralmente são predominantes, apresentando de 10^2 - 10^4 mais biomassa que outros grupos (FIERER, 2017). O tipo de solo influencia a composição dos microrganismos na rizosfera (MENDES et al., 2018), já que o recrutamento ocorre principalmente a partir do *bulk soil* (VANDENKOORNHUYSE et al., 2015). Portanto, a dinâmica do microbioma observada em um tipo de solo pode não ser generalizável para outros tipos de solo (BAKKER et al., 2015) ou espécies específicas de plantas (ISLAM et al., 2020). Bergsma-Vlami, Prins, Raaijmakers (2005) estudaram a diversidade de bactérias *Pseudomonas* spp. em quatro espécies diferentes de plantas (trigo, beterraba, batata e lírio). Foi demonstrado que algumas espécies de *Pseudomonas* foram encontradas apenas na rizosfera específica de cada espécie de planta. Inceoglu, Salles, Van Elsas (2012) estudando a diversidade microbiana na rizosfera de oito genótipos de batata em dois tipos de solo diferentes demonstraram que o tipo de solo e o cultivar influenciaram a comunidade microbiana da rizosfera. Nesse trabalho, os mesmos genótipos, quando cultivados em solos diferentes apresentaram comunidades bacterianas distintas.

As raízes secretam exsudatos radiculares por meio de compostos orgânicos de baixo

peso molecular ou por meio de moléculas não carregadas e polares, sendo secretado cerca de 5–21% do carbono fixado fotossinteticamente na forma de açúcares solúveis, vitaminas, purinas, íons inorgânicos, ácidos orgânicos e aminoácidos (KUMAR; DUBEY, 2020). Por isso, a composição dos exsudados também pode influenciar a composição dos microrganismos na rizosfera. Haichar et al. (2008) estudaram a rizosfera de quatro espécies de plantas (*Triticum aestivum*, *Zea mays*, *Brassica napus* e *Medicago truncatula*) para identificar a influência dos exsudatos radiculares na formação da comunidade microbiana. Os autores demonstraram, por meio da técnica de marcação com isótopos estáveis (SIP), que os exsudatos radiculares das espécies de plantas moldaram significativamente a estrutura da comunidade bacteriana na rizosfera. Dessa forma, o genótipo e o estágio de desenvolvimento da planta são fatores que influenciam e moldam a estrutura da comunidade da rizosfera, variando de acordo com a exsudação de nutrientes pelas raízes (PÉREZ-JARAMILLO; MENDES; RAAIJMAKERS, 2016).

Em relação aos tecidos vegetais, os microrganismos podem ser classificados como epífitos e endófitos, facultativos ou obrigatórios. Os microrganismos que estão aderidos externamente aos tecidos da planta são chamados de epífitos (ROUT, 2014). Já os microrganismos que são capazes de penetrar nos tecidos são chamados de endófitos (VANDENKOORNHUYSE et al., 2015). Os microrganismos presentes nas sementes desempenham papéis importantes durante a germinação, desenvolvimento das plântulas e crescimento das plantas (TRUYENS et al., 2014). Esses microrganismos podem ser encontrados no tegumento, no cotilédone e no embrião (BERG; RAAIJMAKERS, 2018). Além de importantes habitantes das sementes, os microrganismos se proliferam à medida que as sementes germinam no solo (MEENA et al., 2017), garantindo sua presença em novas plantas (TRUYENS et al., 2014), e contribuindo para a formação do microbioma na rizosfera.

Neste contexto, as interações entre plantas e microrganismos são vantajosas para a melhoria da saúde das plantas e da produção agrícola, pois o microbioma da rizosfera e das sementes estão envolvidas na promoção do crescimento, no desenvolvimento e na produtividade das plantas, sendo importante sua integração na agricultura (SAMREEN et al., 2021). Dessa forma, o melhoramento de plantas pode ser uma ferramenta importante na seleção de genótipos que estabeleçam interações fortes com microrganismos benéficos, oferecendo novas perspectivas para uma produção agrícola mais sustentável.

3.3. Influência do melhoramento genético no microbioma do solo

A domesticação de plantas pode ser caracterizada como sendo a modificação genética de uma espécie selvagem para criar plantas que apresentem características que atendam às necessidades humanas (DOEBLEY; GAUT; SMITH, 2006). Esse processo tem sido realizado desde o início da agricultura, a partir da seleção de espécies e variedades que apresentavam características de interesse aos agricultores (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHENETO, 2021). A domesticação foi impulsionada pela seleção humana, práticas de cultivo e o surgimento de ambientes agrícolas (SMÝKAL et al., 2018). Um programa de melhoramento de plantas tem por objetivo principal melhorar a adaptabilidade, estabilidade e produtividade das plantas cultivadas, além de torná-las mais resistentes a doenças e pragas, atendendo às necessidades dos produtores (FREIRE FILHO; RIBEIRO, 2023).

Entretanto, à medida que os avanços na agricultura avançam, o uso constante e exclusivo de genótipos uniforme e muitas práticas agrícolas levam ao estreitamento da diversidade genética (JOSHI et al., 2023). Diante de cenários de mudanças climáticas e perda de diversidade genética, os desafios para produção sustentável de alimentos estão cada vez maiores, sendo necessário encontrar soluções para desenvolver novas plantas que atendam essa demanda (PERSA; RIBEIRO; JARQUIN, 2021). Dessa forma, o melhoramento de plantas, que já trouxe avanços significativos para a produção agrícola no passado, terá um papel ainda mais relevante no futuro (BUERSTMAYR et al., 2022).

As plantas selecionam microrganismos benéficos como seus parceiros para o seu desenvolvimento e essa associação pode ter sido prejudicada com o desenvolvimento e avanço da agricultura, principalmente durante o melhoramento de culturas (GOPAL; GUPTA, 2016). Dessa forma, as primeiras alterações feitas nas comunidades microbianas da rizosfera ocorreram de forma não controlada durante os processos de domesticação e melhoramento das plantas (FARIA et al., 2021). Isso ocorreu porque, durante esses processos, as plantas foram melhoradas alterando o fenótipo, mas sem considerar as interações com os microrganismos (WEI; JOUSSET, 2017). Além disso, programas de melhoramento normalmente são conduzidos em sistemas de monocultura com adubação e controle de patógenos, o que minimiza a contribuição do microbioma para o crescimento e a saúde das plantas (PHILIPPOT et al., 2013).

No caso do microbioma, estudos recentes mostram que o melhoramento genético influencia as comunidades microbianas da rizosfera das plantas. Mendes et al. (2018) avaliaram o impacto do melhoramento do feijão-comum para resistência de *Fusarium oxysporum* (Fox) na composição e no potencial metabólico da comunidade microbiana. Para isso, foi avaliado quatro cultivares que apresentavam diferentes níveis de resistência ao fungo. Os resultados

mostraram diferenças significativas na composição da comunidade microbiana, em que a rizosfera do cultivar resistente apresentou maior abundância das famílias Pseudomonadaceae, Bacillaceae, Solibacteraceae e Cytophagaceae. As análises de rede revelaram uma topologia modular do microbioma da rizosfera do cultivar resistente, sugerindo uma comunidade bacteriana mais complexa e altamente conectada em comparação com a do cultivar suscetível.

Kinnunen-Grubb et al. (2020) avaliaram o impacto do melhoramento genético do trigo no microbioma da rizosfera após a sua domesticação. Para isso, os autores utilizaram cinco genótipos ancestrais do trigo, seis variedades locais e quatro cultivares modernas de trigo. Os resultados mostraram diferenças significativas na composição da comunidade microbiana de cultivares modernas de trigo em comparação com variedades locais e os genótipos ancestrais. Além disso, os autores observaram o enriquecimento exclusivo de diversos táxons em linhagens modernas ou antigas de trigo, em que genótipos antigos de trigo enriqueceram *Acidobacteria* e *Actinobacteria*, enquanto cultivares modernos favoreceram OTUs de *Candidatus Saccharibacteria*, *Verrucomicrobia* e *Firmicutes*.

Pérez-Járamillo et al. (2017) avaliaram oito acessos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*), incluindo parentes selvagens, variedades locais e cultivares modernos, para avaliar o efeito da domesticação e do melhoramento por meio da fenotipagem das raízes e análise da análise do microbioma. Os autores observaram um maior comprimento específico da raiz nos acessos silvestres. Além disso, observou-se que as diferenças na composição da comunidade bacteriana entre os acessos silvestres e modernos está associada às diferenças no comprimento específico de raiz.

Araujo et al. (2023) avaliaram o processo de domesticação em feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) para bactérias promotoras de crescimento de plantas (PGPB). Foram utilizados genótipos selvagens e semi-domesticados, obtidos do México, e um genótipo domesticado, obtido do Brasil (Piauí). Os autores não constataram diferença na diversidade de PGPBs na rizosfera dos genótipos avaliados, mas ocorreu uma mudança na composição da comunidade de PGPBs. Os resultados demonstraram que a domesticação do feijão-fava influenciou a composição e as interações dessas bactérias na rizosfera, recrutando gêneros específicos de PGPBs.

Diante desses resultados, é possível concluir que o melhoramento vegetal influencia principalmente a composição taxonômica e as interações microbianas na rizosfera das plantas, promovendo o recrutamento de microrganismos benéficos. Esses microrganismos são importantes no desenvolvimento e proteção das plantas, melhorando o seu desempenho e produtividade. Dessa forma, melhoramento vegetal deve utilizar todas as ferramentas

disponíveis, incluindo a identificação e exploração da diversidade genética disponível (SMÝKAL et al., 2018). Para isso, é importante considerar o microbioma do solo na seleção de genótipos, para melhorar características das plantas ou modificá-las. Assim, análises do microbioma tornam-se um passo inicial importante para obter uma compreensão mais profunda das diferenças dependentes do genótipo (BERG; RAAIJMAKERS, 2018). Por isso, a seleção e o melhoramento de plantas associados a microrganismos benéficos às plantas são uma estratégia promissora no desenvolvimento de uma nova geração de plantas melhoradas em conjunto com os microrganismos (COMPANT et al., 2019), com potencial de gerar uma ampla variedade de novos fenótipos (WEI; JOUSSET, 2017). Isso pode facilitar o desenvolvimento de novas cultivares que sejam capazes de enfrentar desafios, como as mudanças climáticas, o desenvolvimento demográfico e a demanda crescente por produção sustentável (COMPANT et al., 2019).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Caracterização do material genético vegetal

Foram avaliados cinco genótipos geneticamente distintos de feijão-caupi (Figura 1 e Tabela 1), incluindo duas cultivares biofortificadas em ferro e zinco (Figura 2) (ROCHA et al., 2014), linhagem MNC03-720C-31 desenvolvida pela Embrapa Meio-Norte (Cruzamento entre MNC01-625D-10-2 x TE99-499-1F-2-1), e duas variedades comumente utilizadas por agricultores familiares no estado do Ceará (Pingo de Ouro e Bengala). As sementes utilizadas foram fornecidas pelo Banco Ativo de Germoplasma de feijão-caupi, mantido pela Universidade Federal do Ceará (UFC).

Figura 1 - Genótipos de feijão-caupi.



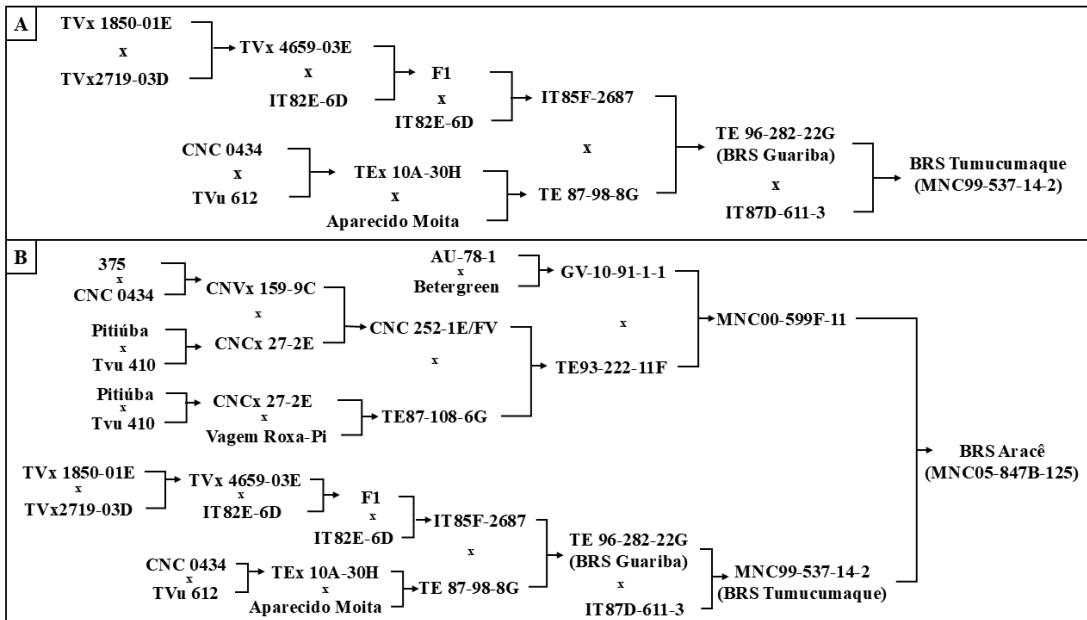
Fonte: autor, 2024.

Tabela 1 - Características dos genótipos de feijão-caupi.

Genótipos	Floração (dias)	Ciclo (dias)	Cor da flor ¹	Porte ²	Cor da vagem ³	Forma da vagem ⁴	Cor do grão ⁵	Forma do grão ⁶
Bengala	46	87	Vi	Spr	Am	Ca	Ma	Re
Pingo de Ouro	42	88	Vi	Spr	Rx	Rc	Ma	Rb
BRS Aracê	41	69	Br	Spr	Rx	Cc	Ve	Ov
BRS Tumucumaque	36	88	Br	Se	Rx	Ra	Br	Re
MNC 03-720-C-31	45	58	Br	Er	Rx	Cc	Br	Ov

¹ Vi: violeta; Br: branca. ² Spr: semiprostrado; Se: semiereto; Er: ereto. ³ Am: amarela; Rx: roxa. ⁴ Ca: curva achatada; Rc: reta cilíndrica; Cc: curva cilíndrica; Ra: reta achatada. ⁵ Ma: marrom; Ve: verde; Br: branco. ⁶ Re: reniforme; Rb: romboide; Ov: ovoide.

Figura 2 - Genealogia dos cultivares (A) BRS Tumucumaque e (B) BRS Aracê.



Fonte: FREIRE FILHO et al. (2023).

Para cada genótipo, foram utilizadas 15 g de sementes, que foram previamente congeladas com nitrogênio líquido e, posteriormente, moídas no equipamento Moinho Misturador MM 400 (© Retsch GmbH), utilizando um jarro de moagem de 50 mL e uma esfera de 25 mm, programado para uma frequência de 30 Hz por 1 min. Após a moagem, as amostras foram transferidas para microtubos de 2 mL e armazenadas a -20 °C até a extração de DNA. Para a extração do DNA das sementes, foi utilizado o kit Wizard Genomic DNA Purification (Promega, USA), seguindo as instruções do fabricante. A qualidade e concentração de DNA foram verificadas por meio do espectrofotômetro NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, USA). A integridade do DNA verificada por meio de eletroforese em gel de agarose a 1%.

A caracterização genética foi realizada por meio de PCR utilizando primers do tipo ISSR. As concentrações dos reagentes utilizadas para o volume final de 20 µL foram: tampão da PCR 1X; MgCl₂ 2 mM; dNTP 0,2 mM; 1U Taq DNA polimerase; 0,8 µM de primer; 30 ng de DNA; e água ultrapura para completar o volume final. As amostras foram amplificadas em termociclador (Applied Biosystems, modelo Veriti 96 – Well Thermal Cycler) nas seguintes etapas: (I) desnaturação inicial do DNA a 94 °C por 5 minutos; (II) 40 ciclos a 94 °C por 1 minuto; anelamento durante 30 segundos a temperaturas específicas para cada primer; extensão por 1 minutos a 72 °C; e (III) extensão final do DNA por 10 minutos a 72 °C. Os produtos de reações de ISSR foram submetidos à eletroforese horizontal em gel de agarose 1% (m/v), com uma tensão de 110 V por 60 minutos. A visualização de cada gel foi realizada com fotodocumentador L-PIX Chemi (Loccus).

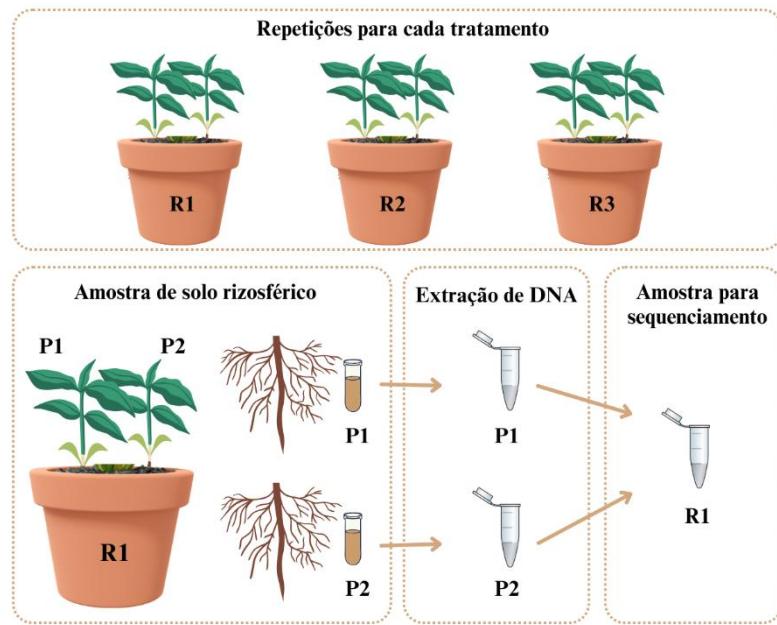
4.2. Avaliação do microbioma associado a rizosfera

O experimento foi conduzido em casa de vegetação na sede da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, Ceará para coleta de amostras de solo rizosférico. O solo utilizado para o cultivo do feijão-caupi foi coletado no campo experimental de horticultura da Universidade Federal do Ceará (UFC) ($3^{\circ}44'25''S$ e $38^{\circ}34'36''W$). Foram coletadas três amostras simples na profundidade de 0-20 cm foram coletadas para composição de uma amostra composta. O delineamento experimento foi o inteiramente casualizado com três repetições. Utilizou-se vasos de plástico com capacidade para 3 litros, preenchidos completamente com o solo. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes e, oito dias após a germinação, as plantas foram desbastadas, deixando duas plantas por vaso. A irrigação foi realizada visando manter a umidade do solo em 70% da capacidade de campo. As plantas foram colhidas no pré-florescimento, por volta de 40 dias após a emergência. As raízes de cada planta em cada vaso foram coletadas separadamente e acondicionadas em tubos de centrifugação contendo 10 mL de solução de NaCl (0,85% m/v) e agitadas vigorosamente por 30 minutos, para desprendimento das partículas de solo. Em seguida, as raízes foram retiradas dos tubos e as amostras de solo rizosférico foram liofilizadas e armazenadas a $-80^{\circ}C$ até a extração do DNA. A extração de DNA foi realizada utilizando o DNeasy® PowerSoil® Pro Kit (QIAGEN Group, USA), seguindo as instruções do fabricante. A qualidade e concentração de DNA foram verificadas por meio do espectrofotômetro NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, USA). A integridade do DNA foi verificada por meio de eletroforese em gel de agarose a 1%.

Para caracterização do microbioma da rizosfera, o DNA obtido a partir das amostras de solo rizosférico das duas plantas em cada vaso foi misturado para compor uma repetição (Figura 3). Foi amplificada a região V3 e V4 do gene 16S rRNA utilizando primers específicos (341F/806R). Todas as reações de PCR foram realizadas com 15 μ L de *Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix* (New England Biolabs), 0,2 μ M de cada primers e aproximadamente 10 ng de DNA. As reações de PCR das amostras foram amplificadas nas seguintes etapas: desnaturação inicial a $98^{\circ}C$ por 1 min, seguida de 30 ciclos de desnaturação a $98^{\circ}C$ por 10 segundos, anelamento a $50^{\circ}C$ por 30 segundos e extensão a $72^{\circ}C$ por 30 segundos, com uma etapa final de extensão a $72^{\circ}C$ por 5 minutos. Os produtos de PCR foram purificados utilizando *Qiagen Gel Extraction Kit* (Qiagen, Germany). As bibliotecas de sequenciamento foram geradas utilizando o *TruSeq® DNA PCR- Free Sample Preparation Kit* (Illumina, USA), seguindo as recomendações do fabricante. A qualidade da biblioteca foi avaliada no Qubit 2.0

Fluorometer (Thermo Scientific) e no 2100 Bioanalyzer system (Agilent, USA). Por fim, o sequenciamento foi realizado na plataforma Illumina NovaSeq ((Illumina, USA), gerando leituras pareadas (paired-end) de 250 pb.

Figura 3 - Sequência para obtenção das amostras para sequenciamento.



Fonte: autor, 2025.

4.3. Processamento dos dados

Os dados de sequenciamento foram processados utilizando o QIIME 2, versão 2024.10. As sequencias foram obtidos no formato “.fastq” em leituras diretas (*forward*) e reversas (*reverse*), e foram analisadas usando o DADA2 (CALLAHAN et al., 2016). Nesse processo, as sequências foram desmultiplexadas e submetidas ao controle de qualidade. Após a filtragem, aproximadamente 3 milhões de sequências de alta qualidade foram obtidas, com uma média de ~152.000 sequências por amostra. As amostras foram rarefeitas para 133.361 sequências, de acordo com a amostra com menor quantidade de sequências. A identificação taxonômica foi realizada por meio do banco de dados Silva v.138.

4.4. Análises estatísticas

Para a caracterização genética por meio do marcador ISSR, a presença e ausência de marcadores (bandas) nos géis foi convertida em uma matriz de presença e ausência (1/0). A partir disso, foi construída uma matriz de distâncias genéticas utilizando o coeficiente de

Jaccard. Em seguida, realizou-se a análise de agrupamento utilizando o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*).

Para análise do microbioma, a diversidade de Shannon e riqueza observada foram calculadas por meio do teste de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$) utilizando a função “estimate_richness” do pacote “phyloseq” (MCMURDIE; HOLMES, 2013). Diagramas de Venn foram construídos para analisar o número de ASV exclusivos e compartilhados entre os tratamentos, utilizando o pacote “ggVennDiagram” (GAO et al., 2024). A composição da comunidade foi feita a partir da abundância relativa dos taxa em dois níveis taxonômicos (filo e gênero), agrupando os menos abundantes na categoria “outros”, utilizando a função “tax_grom” do pacote “phyloseq” (MCMURDIE; HOLMES, 2013). A estrutura da comunidade foi analisada por Análise de Coordenadas Principais (PCoA), utilizando as distâncias de Bray-Curtis e as diferenças entre os tratamentos foram testadas com PERMANOVA ($p < 0,05$), utilizando as funções “distance” e “ordinate” do pacote “phyloseq” (MCMURDIE; HOLMES, 2013).

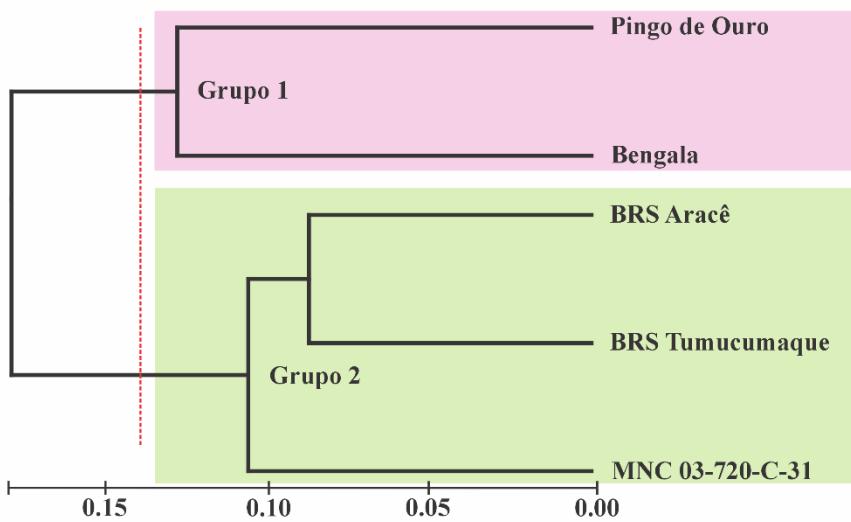
O teste de classificação multinomial de espécies (CLAM) foi feito para calcular a porcentagem de generalistas, especialistas e espécies raras em cada genótipo, utilizando a função “clamtest” do pacote “vegan” (OKSANEN et al., 2025), com nível de significância individual de 0,05 e limite de cobertura de 10. A complexidade das interações da comunidade microbiana foi avaliada por meio da análise de redes, utilizando a função “network.pip” do pacote “ggClusterNet”. Para isso, foi calculado as correlações do Spearman com base na tabela de frequência de ASVs, sendo considerado apenas correlações significativas ($p < 0,01$) e fortes ($> 0,9$ ou $< -0,9$). Por fim, para prever potenciais funções relevantes desempenhadas pela comunidade bacteriana, foi realizada a anotação funcional utilizando o FAPROTAX, um banco de dados que mapeia clados procarióticos para funções metabólicas ou ecologicamente relevantes. Para isso, utilizou-se uma tabela de frequência de táxons no nível de gênero, que foi convertida em uma tabela funcional. A comparação entre os genótipos foi feita com base similaridade, utilizando a distância euclidiana. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o software RStudio (versão 2025.05.0).

5. RESULTADOS

5.1. Caracterização genética por marcador ISSR

Os testes de amplificação do DNA foram inicialmente realizados com 36 primers ISSR, sendo selecionados 16 primers com bandas polimórficas, considerados para a análise de agrupamento (I809, I810, I815, I816, I820, I825, I841, I846, I847, I848, I858, I880, I881, I886, I887 e I889). No total, foram obtidas 87 bandas, sendo 25 (28,74%) de bandas polimórficas. Foi possível observar a formação de dois grupos principais (Figura 4). No grupo 1, ficaram agrupados os genótipos Pingo de Ouro e Bengala e no grupo 2, ficaram agrupados os genótipos BRS Aracê, BRS Tumucumaque e MNC 03-720-C-31.

Figura 4 - Dendrograma de dissimilaridade genética entre genótipos de feijão-caupi, construído com uso do coeficiente de Jaccard e algoritmo UPGMA.

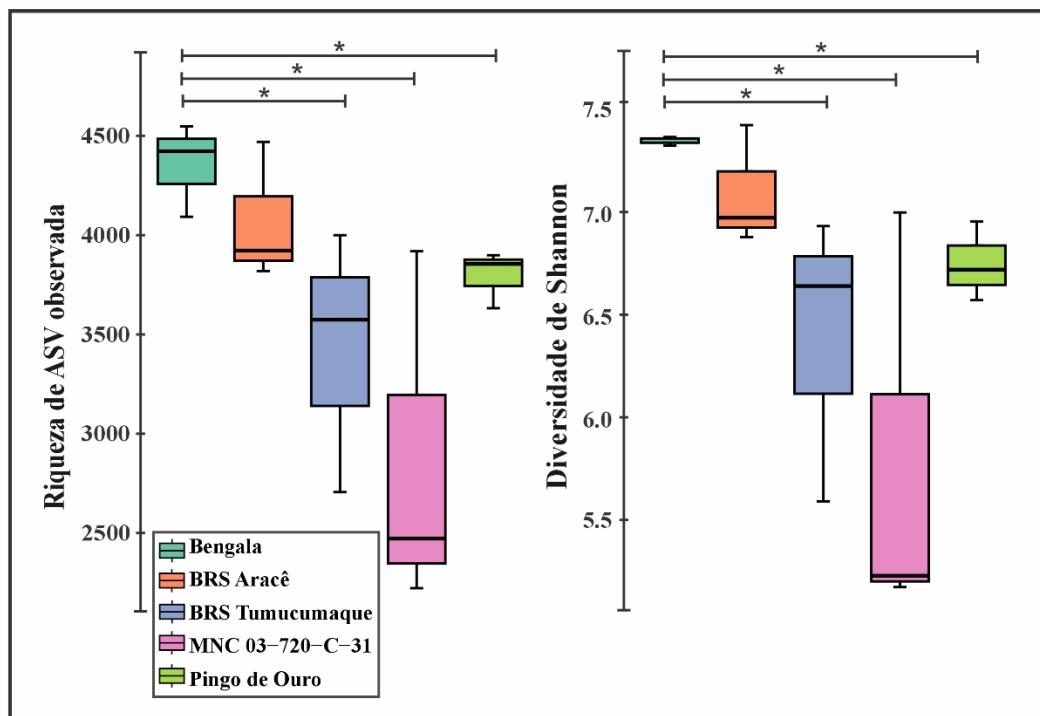


Fonte: autor, 2025.

5.2. Diversidade das comunidades bacterianas

O genótipo Bengala diferiu estatisticamente ($p < 0,05$) dos genótipos BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31 e Pingo de ouro (Figura 5). Observou-se uma tendência na diminuição da riqueza e diversidade associada ao melhoramento, em que a cultivar BRS Tumucumaque e a linhagem MNC 03-720-C-31 apresentaram os menores valores.

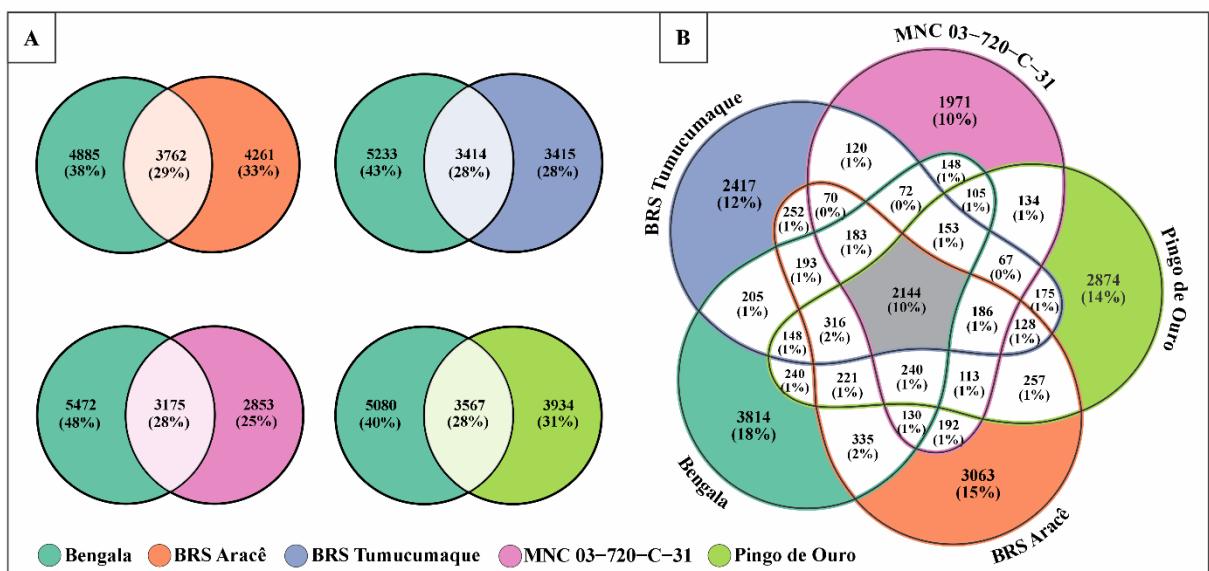
Figura 5 - Diversidade e riqueza taxonômica de ASV das comunidades bacterianas da rizosfera de cinco genótipos de feijão-caupi, baseado no gene 16S rRNA. As linhas indicam a comparação dos tratamentos e o “*” significa diferença estatística entre os tratamentos com base no teste Kruskal-Wallis ($p < 0,05$).



Fonte: autor, 2025.

A análise com diagramas de Venn foi realizada para comparar a proporção de ASVs compartilhadas e exclusivas entre os genótipos de feijão-caupi (Figura 6). Com relação às diferenças entre os genótipos de feijão-caupi, 10% das ASVs (2144 ASVs) foram compartilhadas entre todos os genótipos (Figura 6B). Também foi possível observar diferenças na proporção entre os genótipos, que variaram de 10% a 18% ASVs exclusivos, sendo esses valores correspondente ao menor e maior valor nos genótipos MNC 03-720-C-31 e Bengala, respectivamente. Além disso, os genótipos que mais compartilharam ASVs entre si foi Bengala e BRS Aracê (29% das ASVs) (Figura 6A). Essas observações ficam evidenciadas quando analisadas as comparações feitas isoladamente entre Bengala e os outros genótipos (Figura 6A).

Figura 6 - Diagramas de Venn mostrando as ASVs exclusivas e compartilhadas entre (A) genótipo Bengala, e (B) rizosfera de diferentes genótipos de feijão-caupi.

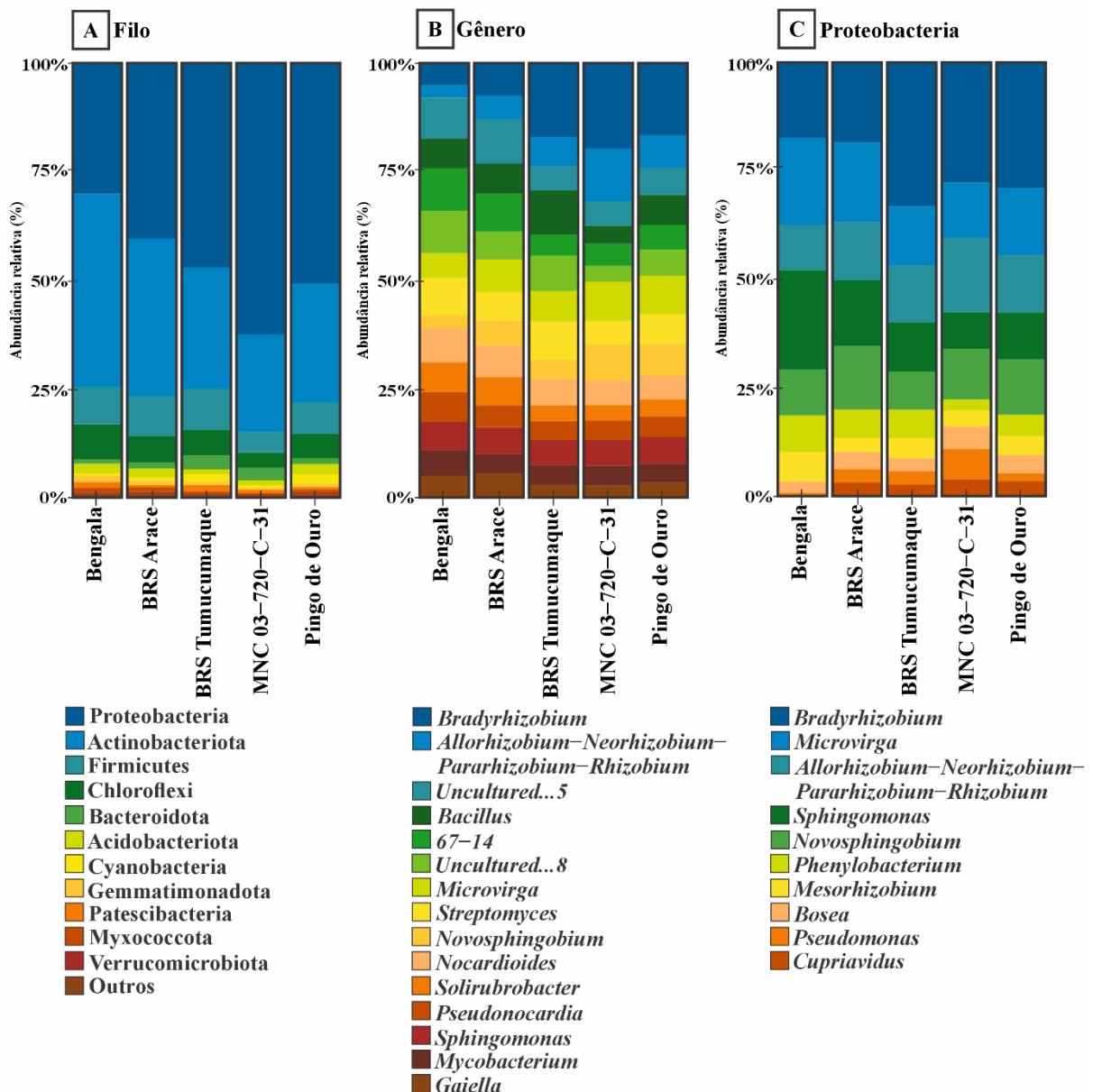


Fonte: autor, 2025.

5.3. Composição das comunidades bacterianas

A comunidade bacteriana foi composta por 38 filos, sendo dominada por Proteobacteria (46,2% de todas as sequências), seguida por Actinobacteriota (31,7%), Firmicutes (7,8%), Chloroflexi (5,9%) e Bacteroidota (1,9%) (Figura 7A). O genótipo MNC 03-720-C-31 apresentou maior abundância relativa de Proteobacteria (62,72%), seguido por Pingo de Ouro (51,16%), BRS Tumucumaque (47,41%) e BRS Aracê (40,80%). Para o filo Actinobacteriota, a maior abundância relativa foi no genótipo Bengala (44,93%), seguido por BRS Aracê (36,77%). Para o filo Firmicutes, a maior abundância relativa foi nos genótipos BRS Tumucumaque (9,33%) e BRS Aracê (9,13%), seguido por Bengala (8,59%) e Pingo de Ouro (7,25%). Para o filo Chloroflexi, a maior abundância relativa foi no genótipo Bengala (8,23%), seguido por BRS Aracê (6,12%), BRS Tumucumaque (6,03%) e Pingo de Ouro (5,66%). Para o filo Bacteroidota, a maior abundância relativa foi no genótipo BRS Tumucumaque (3,25%), seguido por MNC 03-720-C-31 (2,89%).

Figura 7 - Composição taxonômica das comunidades bacterianas na rizosfera de diferentes genótipos de feijão-caipi no nível de filo e gênero com base no gene 16S rRNA. (A) Composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 11 filos mais abundantes. (B) Composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 15 gêneros mais abundantes. (C) Composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 10 gêneros mais abundantes do filo Proteobacteria.



Fonte: autor, 2025.

Foi realizado a análise de composição taxonômica da comunidade bacteriana dos 15 gêneros mais abundantes em cada genótipo (Figura 7B). Na variedade Bengala, destacaram-se as bactérias não cultiváveis 67-14 (9,80%) e (*Uncultured...5*) (9,40%), além dos gêneros

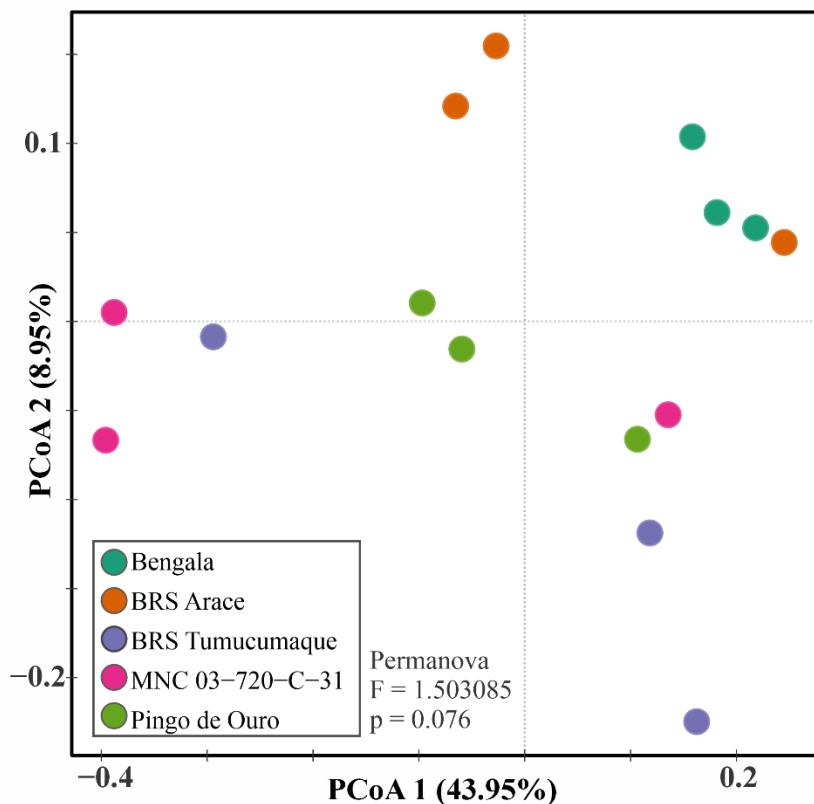
Streptomyces (8,63%) e *Nocardioides* (7,82%) (Figura 7B). De forma semelhante, em BRS Aracê, os principais gêneros foram *Uncultured...5* (10,21%), *67-14* (8,72%), *Nocardioides* (7,25%) e *Solirubrobacter* (6,43%). No cultivar BRS Tumucumaque, observou-se elevada abundância de *Bradyrhizobium* (17,04%) e *Bacillus* (10,19%). Na linhagem MNC 02-720-C-31 destacaram-se os gêneros *Bradyrhizobium* (19,74%) e *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium* (12,21%). Para a variedade Pingo de Ouro, os gêneros mais abundantes foram *Bradyrhizobium* (16,60%) e *Microvirga* (8,82%).

Considerando apenas os gêneros pertencentes ao filo Proteobacteria (Figura 7C), os principais identificados foram *Bradyrhizobium*, *Microvirga*, *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*, *Sphingomonas* e *Novosphingobium*. O gênero *Bradyrhizobium* apresentou a maior abundância relativa no cultivar BRS Tumucumaque (33,17%), seguido por Pingo de Ouro (29,00%) e MNC 03-720-C-31 (27,78%) (Figura 7C). O gênero *Microvirga* foi mais abundante nos genótipos Bengala (19,97%) e BRS Aracê (18,43%). O gênero *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium* teve maior abundância relativa na linhagem MNC 03-720-C-31 (17,18%), *Sphingomonas* na variedade Bengala (22,92%) e *Novosphingobium* no cultivar BRS Aracê (14,60%).

5.4. Estrutura e interações das comunidades bacterianas

A análise de coordenadas principais explicou 52,9% da variação total de ASVs, sendo 43,95% e 8,95% nos dois eixos, respectivamente (Figura 8). A estrutura das comunidades bacterianas não apresentou diferença significativa entre os genótipos ($p>0,05$).

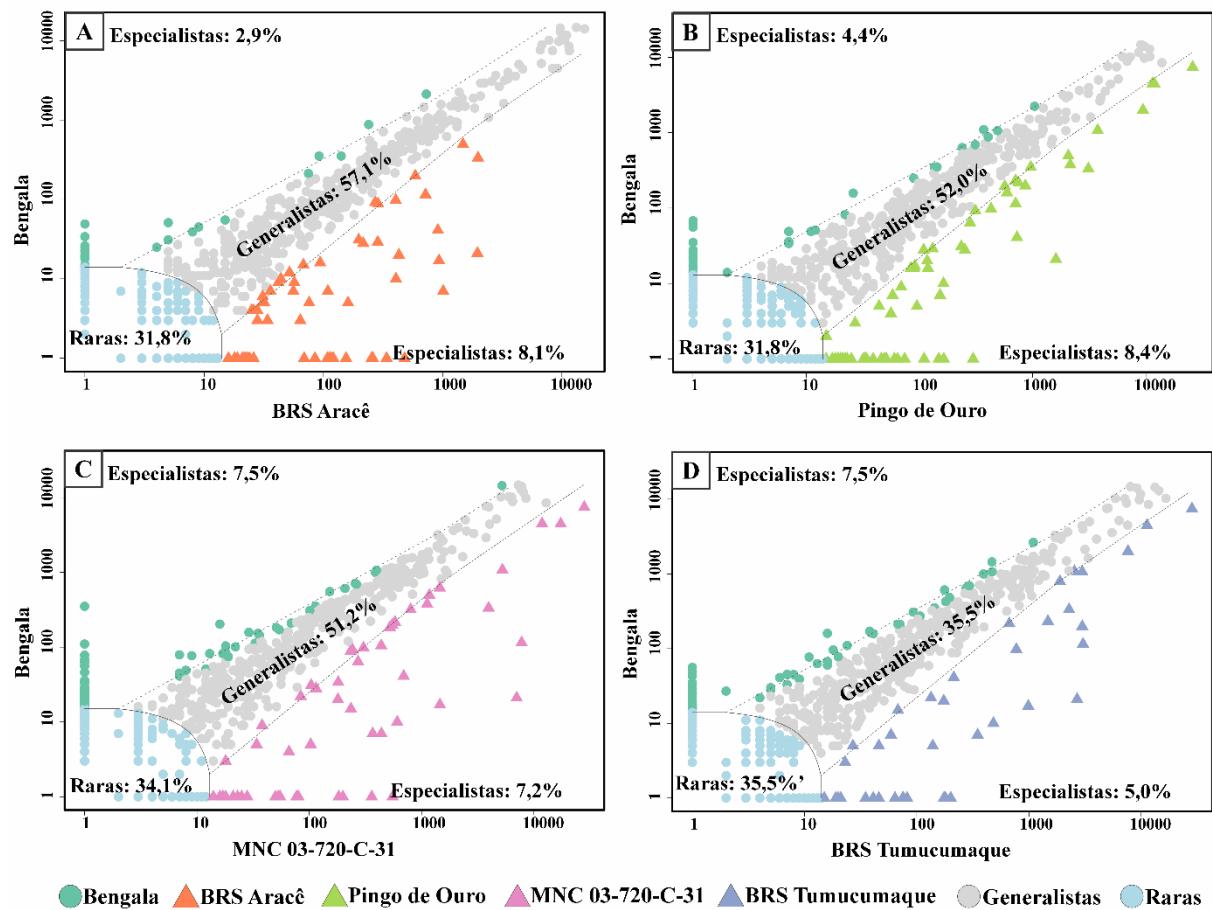
Figura 8 - Estrutura das comunidades bacterianas da rizosfera de cinco genótipos de feijão-caupi baseado no gene 16S rRNA, com base na análise de coordenadas principais.



Fonte: autor, 2025.

A comparação das espécies entre Bengala e os outros genótipos foi realizada por meio do teste CLAM, que classifica os microrganismos em generalistas, raros e especialistas (Figura 9). A análise revelou que a proporção de especialistas e generalistas variou entre os genótipos, sendo que a proporção de generalistas foi maior do que a de especialistas. Na comparação entre Bengala e BRS Aracê, 57,1% das espécies bacterianas foram classificadas como generalistas (presentes em ambos os genótipos), enquanto 2,9% foram classificadas como especialistas no Bengala, contra 8,1% no genótipo BRS Aracê. O mesmo padrão foi observado na comparação entre Bengala e Pingo de Ouro, com menor proporção de especialistas no Bengala (4,4% contra 8,4% no Pingo de Ouro). A comparação entre Bengala e MNC 03-720-C-31 mostrou uma proporção semelhante de especialistas (7,5% contra 7,2% no MNC 03-720-C-31), indicando um aumento de especialistas na variedade Bengala. A comparação entre Bengala e BRS Tumucumaque também mostrou maior proporção de especialistas no Bengala (7,5% contra 5,0% no BRS Tumucumaque), além de apresentar a menor porcentagem de generalistas entre todas as comparações (35,0%).

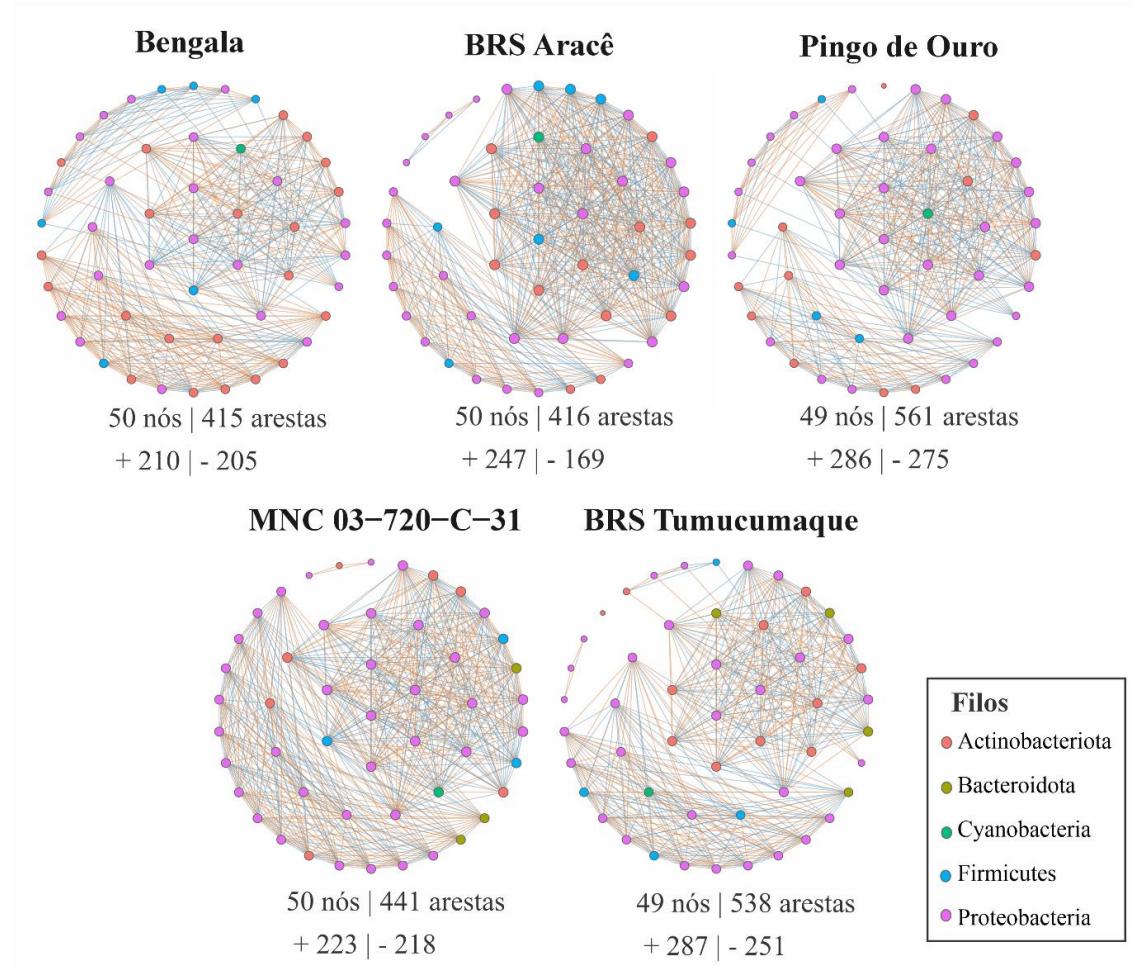
Figura 9 - Método de classificação multinomial de espécies (CLAM) para especialização de espécies em genótipos de feijão-caupi. Os tratamentos avaliados: (A) Bengala e BRS Aracê, (B) Bengala e Pingo de Ouro, (C) Bengala e MNC 03-720-C-31 e (D) Bengala e BRS Tumucumaque. A proporção de generalistas, especialistas e raros está apresentada nos gráficos.



Fonte: autor, 2025.

A análise de rede foi utilizada para comparar a complexidade das interações na comunidade microbiana em cada genótipo (Figura 10 e Tabela 2). Os diferentes genótipos apresentaram características compostionais e topológicas distintas nas redes. De modo geral, a variedade Pingo de Ouro apresentou maior complexidade (número de nós = 49, arestas = 561, grau médio = 22,44), seguido pelo cultivar BRS Tumucumaque (número de nós = 49, arestas = 538, grau médio = 21,52) e MNC 03-720-C-31 (número de nós = 50, arestas = 441, grau médio = 18). Por outro lado, o cultivar BRS Aracê (número de nós = 50, arestas = 416, grau médio = 16,64) e a variedade Bengala (número de nós = 50, arestas = 415, grau médio = 16,93) apresentaram as redes menos complexas.

Figura 10 - Análise de redes das comunidades bacterianas na rizosfera de diferentes genótipos de feijão-caupi, com base no gene 16S rRNA. Cada conexão representa uma correlação de Spearman com magnitude $> 0,9$ (correlação positiva – arestas azuis) ou $< -0,9$ (correlação negativa – arestas vermelhas) e estatisticamente significativa ($P \leq 0,01$). Cada nó representa um táxon em nível de ASV, sendo que o tamanho do nó é proporcional ao número de conexões.



Fonte: autor, 2025.

A modularidade das redes foi mais elevada nos genótipos BRS Aracê (0,60) e Bengal (0,51), indicando uma comunidade mais conectada (Tabela 2). O cultivar BRS Tumucumaque foi o que apresentou a maior correlação positiva, enquanto o cultivar BRS Aracê apresentou a menor correlação negativa. De modo geral, os filos mais abundantes nas redes foram Proteobacteria e Actinobacteriota. É possível observar um maior número de interações

de Proteobacteria na linhagem MNC 03-720-C-31, Pingo de Ouro, BRS Tumucumaque e BRS Aracê, enquanto as interações de Actinobacteriota foram mais frequentes na variedade Bengala.

Tabela 2 - Propriedades das redes microbianas da rizosfera dos genótipos de feijão-caupi.

Propriedades da rede	Bengala	BRS Aracê	Pingo de Ouro	MNC 03-720-C-31	BRS Tumucumaque
Arestas ¹	415	416	561	441	538
Correlação positiva ²	210	247	286	223	287
Correlação negativa ³	205	169	275	218	251
Densidade ⁴	0,35	0,33	0,45	0,37	0,43
Grau médio ⁵	16,93	16,64	22,44	18	21,52
Caminho médio ⁶	1	1	1	1	1
Diâmetro ⁷	1	1	1	1	1
Clusterização ⁸	4	3	3	3	3
Centralidade de Grau ⁹	0,08	0,04	0,09	0,1	0,09
Modularidade da rede ¹⁰	0,51	0,60	0,35	0,47	0,48

¹ Número de conexões/correlações obtidas pela análise Spearman.

² Correlação positiva por Spearman ($> 0,9$ com $P < 0,01$).

³ Correlação negativa por Spearman ($> 0,9$ com $P < 0,01$).

⁴ Proporção entre conexões existentes e possíveis, varia de 0 a 1.

⁵ Média de conexões por nó, mede a conectividade geral da rede.

⁶ Média dos menores caminhos entre todos os pares de nós, mede a eficiência na propagação de informação, energia ou influência.

⁷ Maior distância entre nós na rede, medida em número de arestas.

⁸ Probabilidade de que dois vizinhos de um nó estejam conectados, mede a tendência à formação de agrupamento.

⁹ Média de conexões diretas por nó, identifica nós influentes localmente.

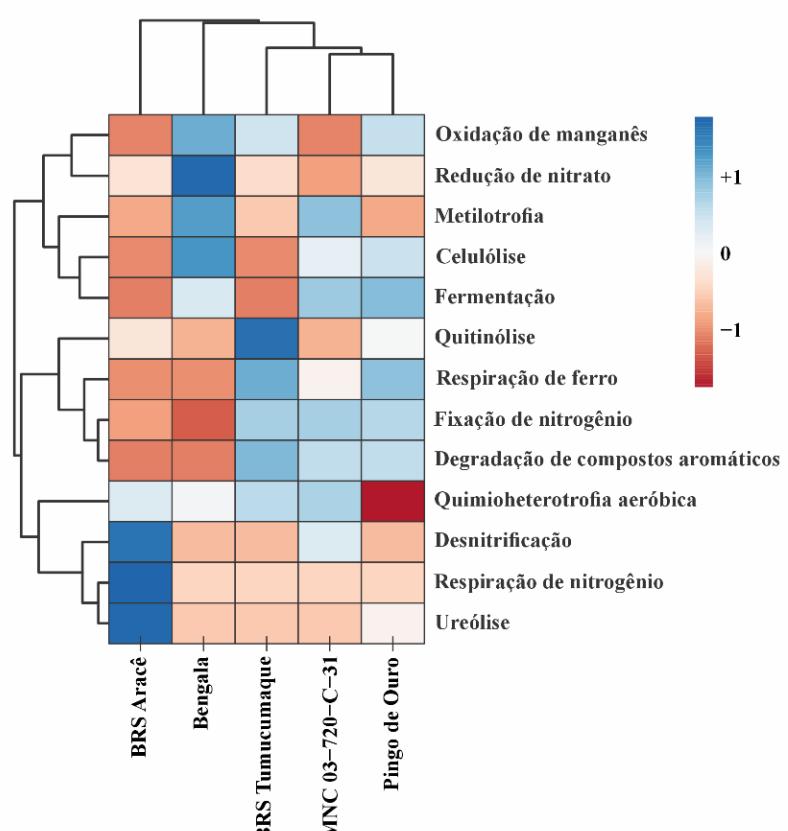
¹⁰ Capacidade dos nós em formar comunidades altamente conectadas, ou seja, uma estrutura com alta densidade de conexões entre os nós.

5.5. Perfil funcional das comunidades bacterianas

A previsão das funções potenciais da comunidade microbiana foi realizada por meio do banco de dados FAPROTAX, sendo identificados 13 grupos funcionais de acordo com cada genótipo de feijão-caupi (Figura 11). O cultivar BRS Aracê está mais relacionado a grupos microbianos relacionados a desnitrificação, respiração de nitrogênio e ureólise. A variedade Bengala está relacionado a grupos microbianos envolvidos na oxidação de manganês, redução

de nitrato, metilotrofia e celulólise. O cultivar BRS Tumucumaque está relacionado a grupos microbianos envolvidos na quitinólise, respiração de ferro, degradação de compostos aromáticos, fixação de nitrogênio e quimioheterotrofia aeróbica. Para a linhagem MNC 03-720-C-31, destacaram-se as funções relacionadas a fixação de nitrogênio, quimioheterotrofia aeróbica, degradação de compostos aromáticos e desnitrificação. Já a variedade Pingo de Ouro está mais associada as funções de fermentação, respiração de ferro, fixação de nitrogênio, oxidação de manganês, celulólise e degradação de compostos aromáticos. De modo geral, todos os genótipos apresentaram perfis funcionais distintos, sendo que BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31 e Pingo de Ouro apresentaram maior abundância de grupos relacionadas à fixação de nitrogênio, enquanto as rizosferas de BRS Aracê e Bengala apresentaram redução dessa função.

Figura 11 - Mapa de calor das funções metabólicas e ecológicas de bactérias com base no banco de dados FAPROTAX entre diferentes genótipos de feijão-caupi. As amostras foram agrupadas de acordo com base na distância euclidiana. Cores diferentes indicam a abundância relativa em cada amostra, a cor vermelha representa funções com menor abundância na amostra e a cor azul indica funções com maior abundância.



Fonte: autor, 2025.

6. DISCUSSÃO

6.1. Caracterização genética por marcador ISSR

Neste estudo, foi avaliada comunidade bacteriana de cinco genótipos de feijão-caupi para investigar se o melhoramento vegetal afeta o microbioma na rizosfera. A caracterização genética por meio de marcadores ISSR mostrou a formação de dois grupos, genótipos não melhorados (Bengala e Pingo de Ouro) e genótipos melhorados (BRS Aracê, BRS Tumucumaque e MNC 03-720-C-31). Isso indica uma alta similaridade genética entre os genótipos, o que também foi observado em outros estudos de feijão-caupi. Gajera et al. (2014) avaliaram a diversidade genética, por meio de marcadores ISSR e RAPD, em onze cultivares que apresentavam características fenotípicas bem distintas. Os autores obtiveram a formação de dois grupos, sendo observado alto grau de similaridade genética entre os genótipos. Da mesma forma, Araujo et al. (2019b) avaliaram a diversidade genética, por meio de marcadores ISSR, em 52 variedades de feijão-caupi coletadas em localidades diferentes de agricultores familiares. Os autores obtiveram a formação de seis grupos, também observaram alta similaridade genética entre as variedades, além de valores baixos de distância genética, concluindo que esse resultado demonstra a base genética estreita da espécie.

6.2. Diversidade das comunidades bacterianas

Os genótipos distintos afetaram a riqueza e diversidade da comunidade bacteriana associada à rizosfera. A variedade Bengala apresentou os maiores valores para a riqueza e diversidade e estatisticamente diferente dos demais genótipos, exceto para o cultivar BRS Aracê. Entre os genótipos melhorados não houve diferença para riqueza e diversidade. Como Bengala é uma variedade local do Ceará, que sofreu menor pressão de seleção artificial, pode indicar que esse genótipo consegue estabelecer associações com um número maior de microrganismos presentes no solo. A variedade local Bengala e o cultivar BRS Aracê apresentaram similaridades nos níveis de riqueza e diversidade. Essa similaridade também pode ser observada no diagrama de Venn, que mostrou que 29% dos ASVs são compartilhados entre esses dois genótipos de feijão-caupi. Embora não tenha sido observado diferenças na estrutura geral da comunidade bacteriana entre os genótipos, cada um apresentou ASVs exclusivos específicos, cuja proporção variou de 10% na linhagem MNC 03-720-C-31 a 18% na variedade tradicional Bengala. Esses resultados se assemelham a estudos anteriores que avaliaram variedades e genótipos

melhorados, não sendo observados efeitos estatisticamente significativos na diversidade e riqueza das comunidades microbianas na rizosfera no feijão comum (PÉREZ-JARAMILLO et al., 2017), feijão-caipi (ALBUQUERQUE et al., 2022) e feijão-fava (BRITO et al., 2025a). Esses mesmos estudos mostraram que o melhoramento vegetal não teve efeito sobre a diversidade e riqueza da comunidade microbiana, mas afetou a composição taxonômica.

6.3. Composição das comunidades bacterianas

A nível de filo e gênero, observou-se mudanças na abundância relativa de alguns táxons microbianos na composição das comunidades bacterianas nos genótipos. A nível taxonômico de filo, a análise da composição identificou Proteobacteria, Actinobacteriota, Firmicutes, Chloroflexi e Bacteroidota como os predominantes na rizosfera dos genótipos de feijão-caipi, estando de acordo com estudos anteriores com feijão-caipi (CUARTERO et al., 2022; CHINTHALAPUDI et al. 2025). Os genótipos BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31 e Pingo de Ouro apresentaram maior enriquecimento com membros de Proteobacteria. Esse filo é conhecido por sua adaptabilidade e ampla presença em diversas condições ambientais, além de participarem de diversos processos do solo, decomposição da matéria orgânica e fixação de nitrogênio, pois neste filo estão presentes as bactérias fixadoras de nitrogênio (GHAYOUMI; EMAMJOMEH; DAVARPANAH, 2025). Os genótipos Bengala e BRS Aracê apresentaram predominância de Actinobacteriota, sendo que esse filo tende a prosperar em condições oligotróficas (ZHANG et al., 2019), explicando seu enriquecimento no genótipo Bengala que é uma variedade tradicional. O filo Chloroflexi possui microrganismos envolvidos em ciclos biogeoquímicos essenciais (TARTAGLIA et al., 2024), com representantes que podem usar diferentes fontes de energia como fotoautotrofia, foto-heterotrofia, quimioautotrofia, quimioheterotrofia e mixotrofia (WANG et al., 2025). Os filos Bacteroidetes e Firmicutes contribuem para a decomposição da matéria orgânica e para a ciclagem de nutrientes (KUMAR et al., 2024).

No nível taxonômico de gênero, observou-se que a variedade Bengala e o cultivar BRS Aracê apresentaram comportamento semelhante, em identidade e abundância. O gênero *Nocardoides* (7,82% para Bengala e 7,25% para BRS Aracê) é reconhecido por seu papel importante na biodegradação de poluentes orgânicos (MA et al., 2023). Os genótipos BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31 e Pingo de Ouro apresentaram maior abundância de gêneros de bactérias promotoras de crescimento como os fixadores de nitrogênio *Bradyrhizobium*, *Allorhizobium*, *Neorhizobium*, *Pararhizobium*, *Rhizobium* e *Microvirga* (SARAO et al., 2025; MATARANYIKA et al., 2024; RADL et al., 2014). A variedade local Bengala apresentou maior

abundância do gênero *Streptomyces*. Este gênero abriga espécies comumente reportadas como promotoras de crescimento e agente de biocontrole contra patógenos (VIAENE et al., 2016). Bengala também apresentou abundância elevada do gênero *Sphingomonas*, que são bactérias promotoras de crescimento adaptadas a condições de estresse abiótico (ASAF et al., 2020). O cultivar BRS Aracê apresentou elevada abundância de bactérias promotoras de crescimento como *Solirubrobacter* e *Novosphingobium*. O gênero *Solirubrobacter* é conhecido por sua ampla capacidade de metabolização de compostos e adaptabilidade a estresses abióticos (JARA-SERVIN et al., 2024). Já *Novosphingobium* inclui bactérias capazes de produzir fitohormônios e sideróforos, contribuindo para o desenvolvimento vegetal (KRISHNAN et al., 2017). A cultivar BRS Tumucumaque apresentou abundância elevada no gênero *Bacillus*, que além de promotoras de crescimento, também apresentam capacidade de biocontrole e melhoria na resistência a estresses (CUI et al., 2025). Isso é indicativo importante que sugere o recrutamento de grupos bacterianos benéficos pela rizosfera de feijão-caupi. O melhoramento vegetal não alterou a composição do microbioma, mas pode ter contribuído no recrutamento de microrganismos que desempenham funções que melhoraram o crescimento da planta e fixação biológica de nitrogênio.

6.4. Estrutura e interações das comunidades bacterianas

A estrutura da comunidade bacteriana foi avaliada a partir da análise de Coordenadas Principais (PCoA), e foi possível observar que o melhoramento vegetal não afetou a estrutura do microbioma na rizosfera, pois não houve diferença estatística entre a rizosfera dos genótipos de feijão-caupi. Esse resultado se assemelha a estudos anteriores realizados no feijão-caupi e em outras espécies. No feijão-caupi, a estrutura da comunidade bacteriana da rizosfera foi avaliada em duas linhagens e duas cultivares, por meio da análise de Componentes Principais (PCA) (ALBUQUERQUE et al., 2022). No feijão comum, a estrutura da comunidade bacteriana da rizosfera foi avaliada em cinco variedades e três cultivares por meio da análise de Coordenadas Principais Canônica (CAP) (PÉREZ-JARAMILLO et al., 2017). No milho, a estrutura da comunidade bacteriana da rizosfera foi avaliada em dez genótipos (dois teosintos, três linhagens e cinco híbridos) por meio de uma PCoA (BRISSON et al., 2019). Em todos esses estudos, os autores não observaram efeito significativo dos genótipos sobre a estrutura da comunidade bacteriana, mas observaram diferenças na composição taxonômica da comunidade em cada genótipo.

A comparação entre a variedade Bengala e os outros genótipos foi feita por meio

do teste CLAM, sendo avaliado a porcentagem de microrganismos generalistas, raros e especialistas. Independentemente da comparação, a proporção de generalistas não variou significativamente, com exceção da comparação com BRS Tumucumaque que apresentou a menor proporção (35%). Esse resultado sugere que o melhoramento não teve impacto na especialização da comunidade microbiana associada aos genótipos de feijão-caupi. A proporção de generalistas foi maior entre Bengala e BRS Aracê (57,1%), e a participação relativamente alta de generalistas nesses dois genótipos pode estar relacionada às maiores semelhanças entre elas, quando comparadas aos outros genótipos. A presença de microrganismos generalistas na rizosfera pode ser vantajosa, pois conferem resistência a condições ambientais, sendo importantes na manutenção da estabilidade da comunidade (XU et al., 2022). Por outro lado, menores proporções de especialistas podem conferir funções específicas no solo, pois algumas plantas formam relações altamente especializadas com seus simbiontes e isso produz efeitos importantes no desempenho das plantas (SEMCHENKO et al., 2022), como pode ser o caso do feijão-caupi.

Análise de redes estabelecidas pelos integrantes das comunidades microbianas tem sido aplicada para avaliar a complexidade de interações na comunidade bacteriana na rizosfera de feijão-caupi. O cultivar BRS Aracê e a variedade local Bengala apresentaram os números de arestas e grau médio semelhantes e os menores valores, mostrando-se redes de menor complexidade. Entretanto, esses mesmos genótipos foram os que apresentaram maiores valores de modularidade da rede, indicando que apresentam maior estabilidade nas comunidades bacterianas (LIU et al., 2024). Valores elevados de modularidade podem indicar uma maior diferenciação dos nichos ecológicos, e isso pode causar a diminuição nas interações microbianas no solo (CHEN et al., 2024). As comunidades bacterianas na rizosfera da variedade Pingo de Ouro e do cultivar BRS Tumucumaque apresentaram os maiores valores para números de arestas e grau médio. Isso indica uma rede mais complexa e mais conectada, indicando possíveis interações mutualísticas entre os microrganismos (ZHAO et al., 2023). Esse resultado de aumento na complexidade em genótipos melhorados também foi observado por Brito et al. (2025a), avaliando linhagens de feijão-fava, que tiveram aumento nas interações, apresentando um maior número de arestas e nós. Comparando os dois cultivares, observou-se que ocorreu diminuição das interações em BRS Aracê, enquanto BRS Tumucumaque apresentou aumento. Essa diferença no número de interações entre cultivares também foi observada por Albuquerque et al. (2022) ao estudar a rizosfera de genótipos de linhagens e cultivares de feijão-caupi, em que a comunidade bacteriana na rizosfera das cultivares BRS-Guariba e BRS-Tumucumaque apresentaram, respectivamente, a maior e menor complexidade.

A cultivar BRS Aracê apresentou mais correlações positivas na sua rede do que negativas, indicando que o melhoramento vegetal pode atuar melhorando a interação entre os microrganismos. De modo geral, é possível observar maior interação entre bactérias pertencentes ao filo Proteobacteria nos genótipos, com exceção da variedade Bengala que apresentou mais interações com o filo Actinobacteriota. A maior abundância do filo Proteobacteria indica interações fortes com microrganismos que são capazes de induzir a formação de nódulos e fixar nitrogênio atmosférico (ZHAO et al., 2023). Esse resultado reflete o que foi observado na análise de composição taxonômica, e indica um resultado positivo do melhoramento do feijão-caupi, onde a rizosfera gradualmente recruta microrganismos mais compatíveis e eficientes que ajudam no crescimento e produtividade das plantas (BRITO et al., 2025b).

6.5. Perfil funcional das comunidades bacterianas

Nesse estudo, foi realizada a análise de predição do perfil funcional da comunidade bacteriana associada à rizosfera do feijão-caupi utilizando o banco de dados FAPROTAX. Os genótipos BRS Tumucumaque, MNC 03-720-C-31 e Pingo de Ouro apresentaram maior abundância de grupos relacionadas à fixação de nitrogênio, enquanto as rizosferas de BRS Aracê e Bengala apresentaram redução desses grupos. Esses genótipos foram os que apresentaram maior abundância de microrganismos do filo Proteobacteria, que possuem bactérias fixadores de nitrogênio (ZHAO et al., 2023). O cultivar BRS Aracê intensificou várias funções do ciclo do nitrogênio, como a desnitrificação, respiração de nitrogênio, o que permite a conversão do nitrogênio em formas de amônio absorvíveis pelas plantas, além de ter inibido a redução de nitrato, o que favorece a conversão e a síntese de amônio (LIU et al., 2025). A variedade Bengala intensificou funções relacionadas ao ciclo do carbono, como a metilotrofia, celulólise e fermentação, indicando bactérias associadas a degradação de polissacarídeos e fixação de carbono (YU et al., 2025). Assim, a previsão do perfil funcional dos genótipos de feijão-caupi mostrou que o melhoramento vegetal induziu a formação de um perfil microbiano específico na rizosfera, caracterizado por microrganismos relacionados ao ciclo do nitrogênio (N).

Com base nesses resultados, apesar da utilização de genótipos distintos, foi observado pouca variabilidade genética entre eles. Essa baixa variação pode ter efeitos limitados para estudar o efeito dos genótipos sobre as comunidades microbianas da rizosfera (BRISSON et al., 2019). Possíveis variações no microbioma podem ser devido a características

que os genótipos apresentam (Tabela 1) e essas diferenças podem afetar a montagem do microbioma da rizosfera em cada genótipo (SOLDAN et al., 2021). Assim, os resultados deste estudo demonstram que, embora o melhoramento vegetal não tenha alterado significativamente a riqueza, diversidade e estrutura da comunidade bacteriana, ele influenciou a composição taxonômica, as interações e o perfil funcional do microbioma da rizosfera dos genótipos de feijão-caupi.

7. CONCLUSÃO

Os genótipos de feijão-caupi afetaram a diversidade e riqueza das comunidades bacterianas. De modo geral, os resultados indicaram uma comunidade bacteriana semelhante na rizosfera dos genótipos de feijão-caupi, mas com o enriquecimento de grupos microbianos em cada genótipo.

A análise das interações microbianas revelou alterações na complexidade das redes, onde os genótipos melhorados apresentaram comunidades com interações mais complexas. O perfil funcional das comunidades microbianas foi afetado pelos genótipos. Os genótipos melhorados apresentaram maior abundância de grupos relacionadas ao ciclo do nitrogênio.

Compreender essa dinâmica pode fornecer informações para programas de melhoramento visando otimizar as interações planta-microrganismo para melhorar a produtividade e sustentabilidade no cultivo do feijão-caupi. Estudos futuros com um número maior de genótipos, maior divergência genética e solos distintos poderão contribuir para aprofundar o entendimento das relações entre comunidade microbiana e melhoramento vegetal.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, Tayná Mendes de. et al. Genetically related genotypes of cowpea present similar bacterial community in the rhizosphere. **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, p. 1-11, 2022.
- ARAUJO, Ademir Sergio Ferreira et al. Bacterial community associated with rhizosphere of maize and cowpea in a subsequent cultivation. **Applied Soil Ecology**, v. 143, p. 26-34, 2019a.
- ARAUJO, Ademir Sergio Ferreira et al. Root architecture and the rhizosphere microbiome: shaping sustainable agriculture. **Plant Science**, v. 359, p. 1-9, 2025.
- ARAUJO, Ademir Sergio Ferreira et al. The process of domestication shapes the plant growth-promoting bacteria community in the rhizosphere of lima bean (*Phaseolus lunatus*). **Rhizosphere**, v. 28, p. 1-5, 2023.
- ARAÚJO, L. B. R. et al. Genetic diversity in cowpea landraces analyzed by ISSR markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 1, p. 8-10, 2019b.
- ARAÚJO, Beatriz de Abreu et al. Veranicos na produtividade de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) no município de Crateús, Ceará. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 14, n. 2, p. 312-316, 2019c.
- ASAF, Sajjad et al. Sphingomonas: from diversity and genomics to functional role in environmental remediation and plant growth. **Critical reviews in biotechnology**, v. 40, n. 2, p. 138-152, 2020.
- BAKKER, Matthew G. et al. Impacts of bulk soil microbial community structure on rhizosphere microbiomes of *Zea mays*. **Plant and Soil**, v. 392, n. 1, p. 115-126, 2015.
- BERG, Gabriele.; RAAIJMAKERS, Jos M. Saving seed microbiomes. **ISME Journal**, v. 12, n. 5, p. 1167-1170, 2018.
- BERGSMA-VLAMI, Maria; PRINS, Mieke E.; RAAIJMAKERS, Jos M. Influence of plant species on population dynamics, genotypic diversity and antibiotic production in the rhizosphere by indigenous *Pseudomonas* spp. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 52, n. 1, p. 59-69, 2005.
- BORÉM, Aluízio; MIRANDA, Glauco V.; FRITSCHE-NETO, Roberto. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. Viçosa: Editora da UFV, 2021.
- BOUKAR, Ousmane et al. Cowpea (*Vigna unguiculata*): Genetics, genomics and breeding. **Plant Breeding**, v. 138, n. 4, p. 415-424, 2019.
- BOUKAR, Ousmane et al. Introgression Breeding in Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 1-11, 2020.
- BRAHMAPRAKASH, G. P. et al. Microbial functions of the rhizosphere. Em: SINGH, Dhananjaya Pratap; SINGH, Harikesh Bahadur; PRABHA, Ratna. (Eds.). **Plant-Microbe Interactions in Agro-Ecological Perspectives**. Singapore: Springer, 2017. v. 1.

BRISSON, Vanessa L. et al. Impacts of maize domestication and breeding on rhizosphere microbial community recruitment from a nutrient depleted agricultural soil. **Scientific reports**, v. 9, n. 1, p. 1-14, 2019.

BRITO, Karla Annielle da Silva Bernardo et al. Breeding-induced changes in the rhizosphere microbial communities in Lima bean (*Phaseolus lunatus*). **Applied Soil Ecology**, v. 205, p. 1-9, 2025a.

BRITO, Karla Annielle da Silva Bernardo et al. Lima bean breeding changes the community of plant growth-promoting rhizobacteria in the rhizosphere. **Symbiosis**, v. 95, n. 3, p. 343-349, 2025b.

BUERSTMAYR, Hermann et al. Plant breeding for increased sustainability: challenges, opportunities and progress. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, n. 11, p. 3679-3683, 2022.

CALLAHAN, Benjamin J. et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. **Nature methods**, v. 13, n. 7, p. 581-583, 2016.

CAMARA, Felipe Thomaz et al. Produtividade de feijão caupi crioulo em função do espaçamento entre linhas e número de plantas por cova. **REVISTA DE AGRICULTURA NEOTROPICAL**, v. 5, n. 2, p. 19-24, 2018.

CHAUHAN, Poonam et al. Soil Microbiome: Diversity, Benefits and Interactions with Plants. **Sustainability**, v. 15, n. 19, p. 1-43, 2023.

CHEN, Jin et al. Difference in microbial community structure along a gradient of crater altitude: insights from the Nushan volcano. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 90, n. 8, p. 1-19, 2024.

CHINTHALAPUDI, Durga PM et al. Drought-Induced Shifts in Cowpea Rhizoplane Bacterial Communities Across Different Vegetative and Reproductive Stages. **Plant Stress**, p. 1-14, 2025.

COMPANT, Stéphane et al. A review on the plant microbiome: Ecology, functions, and emerging trends in microbial application. **Journal of Advanced Research**, v. 19, p. 29-37, 2019.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras>>. Acesso em: 22 nov. 2024.

COSTA, Joaquim Geraldo Cáprio. **Morfologia feijão-caupi**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao/morfologia>>. Acesso em: 21 jul. 2025.

CUARTERO, Jessica et al. A first-year melon/cowpea intercropping system improves soil nutrients and changes the soil microbial community. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 328, p. 1-8, 2022.

CUI, Bingjian et al. Community structure and selected genes abundance shift of rhizosphere

and endophyte bacteria from roots associated with the sludge application under reclaimed water irrigation. **Applied Soil Ecology**, v. 210, p. 1-15, 2025.

DINI-ANDREOTE, Francisco. Endophytes: The Second Layer of Plant Defense. **Trends in Plant Science**, v. 25, n. 4, p. 319-322, 2020.

DO VALE, Júlio César et al. Botânica e Fenologia. Em: DO VALE, Júlio César; BERTINI, Cândida; BORÉM, Aluízio. (Eds.). **Feijão-caupi: do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV, 2017.

DOEBLEY, John F.; GAUT, Brandon S.; SMITH, Bruce D. The Molecular Genetics of Crop Domestication. **Cell**, v. 127, p. 1309-1321, 2006.

DWIVEDI, Sangam L. et al. Exploitation of rhizosphere microbiome biodiversity in plant breeding. **Trends in Plant Science**, 2025.

FARIA, Mírian Rabelo et al. The rhizosphere microbiome: functions, dynamics, and role in plant protection. **Tropical Plant Pathology**, v. 46, n. 1, p. 1-13, 2021.

FIERER, Noah. Embracing the unknown: Disentangling the complexities of the soil microbiome. **Nature Reviews Microbiology**, v. 15, n. 10, p. 579-590, 2017.

FREIRE FILHO, F. R. **Origem, evolução e domesticação do caupi**. Goiânia: EMBRAPA-CNPaf, 1998.

FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues et al. **Feijão-Caupi no Brasil Produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011.

FREIRE FILHO, Francisco Rodrigues; RIBEIRO, Valdenir Queiroz. Cultivares de feijão-caupi disponibilizadas no Brasil no período de 1968 a 2020. Em: **Feijão-Caupi na Embrapa Meio-Norte: melhoramento, cultivares lançadas, genealogias e base genética**. Brasília, DF: Embrapa, 2023. p. 465-523.

GAJERA, Harsukh Popatbhai et al. Appraisal of RAPD and ISSR markers for genetic diversity analysis among cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 79-88, 2014.

GAO, Chun-Hui et al. ggVennDiagram: Intuitive Venn diagram software extended. **Imeta**, v. 3, n. 1, p. 1-4, 2024.

GHAYOUMI, Masoud; EMAMJOMEH, Abbasali; DAVARPANAH, Seyed Javad. The role of rhizosphere microbiomes in enhancing terpene production in *Ferula asafoetida*: A comparative study across three different regions. **Rhizosphere**, v. 34, p. 1-9, 2025.

GOPAL, Murali; GUPTA, Alka. Microbiome selection could spur next-generation plant breeding strategies. **Frontiers in Microbiology**, v. 7, p. 1-10, 2016.

GRYTA, Agata; FRAC, Magdalena; OSZUST, Karolina. Genetic and metabolic diversity of soil microbiome in response to exogenous organic matter amendments. **Agronomy**, v. 10, n. 4, p. 1-22, 2020.

HAICHAR, Feth Zahar et al. Plant host habitat and root exudates shape soil bacterial community structure. **ISME Journal**, v. 2, n. 12, p. 1221–1230, 2008.

HASSEN, Ahmed Idris et al. Non-Rhizobial Endophytes (NREs) of the Nodule Microbiome Have Synergistic Roles in Beneficial Tripartite Plant-Microbe Interactions. **Microorganisms**, v. 13, p. 1-28, 2025.

IBPGR - International Board for Plant Genetic Resources. **Cowpea Descriptors**. Rome: IBPGR Secretariat, 1983.

INCEOĞLU, Özgül; SALLES, Joana Falcão; VAN ELSAS, Jan Dirk. Soil and Cultivar Type Shape the Bacterial Community in the Potato Rhizosphere. **Microbial Ecology**, v. 63, n. 2, p. 460-470, 2012.

ISLAM, Waqar et al. Role of environmental factors in shaping the soil microbiome. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 27, n. 33, p. 41225–41247, 2020.

JANSSON, Janet K.; HOFMOCKEL, Kirsten S. Soil microbiomes and climate change. **Nature Reviews Microbiology**, v. 18, n. 1, p. 35-46, 2020.

JARA-SERVIN, Angélica et al. Unravelling the genomic and environmental diversity of the ubiquitous *Solirubrobacter*. **Environmental Microbiology**, v. 26, n. 8, p. 1-24, 2024.

JI, Ji et al. Genome Editing in Cowpea *Vigna unguiculata* Using CRISPR-Cas9. **International journal of molecular sciences**, v. 20, n. 10, p. 1-13, 2019.

JOSHI, Bal Krishna, et al. Approaches and advantages of increased crop genetic diversity in the fields. **Diversity**, v. 15, n. 5, p. 1-11, 2023.

KINNUNEN-GRUBB, Marta et al. Breeding selection imposed a differential selective pressure on the wheat root-associated microbiome. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 96, n. 11, p. 1-11, 2020.

KRISHNAN, Ramya et al. Novosphingobium pokkali sp nov, a novel rhizosphere-associated bacterium with plant beneficial properties isolated from saline-tolerant pokkali rice. **Research in microbiology**, v. 168, n. 2, p. 113-121, 2017.

KUMAR, Ashwani; DUBEY, Anamika. Rhizosphere microbiome: Engineering bacterial competitiveness for enhancing crop production. **Journal of Advanced Research**, v. 24, p. 337-352, 2020.

KUMAR, SP Lalid et al. Sustainable farming practices enhance bacterial diversity and nutrient levels in sorghum rhizosphere soil. **Rhizosphere**, v. 32, p. 1-10, 2024.

LEITE, Jakson et al. Cowpea nodules harbor non-rhizobial bacterial communities that are shaped by soil type rather than plant genotype. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 1-11, 2017.

LIU, He et al. Impact of pest-induced Burkholderia inoculation on tea seedlings: Integrated

rhizosphere microbiome, transcriptome and metabolome profiling. **Industrial Crops and Products**, v. 232, p. 1-13, 2025.

LIU, Hongwei; BRETELL, Laura E.; SINGH, Brajesh. Linking the Phyllosphere Microbiome to Plant Health. **Trends in Plant Science**, v. 25, n. 9, p. 841-844, 2020.

LIU, Yong-Qi et al. Plant growth-promoting bacteria improve the Cd phytoremediation efficiency of soils contaminated with PE–Cd complex pollution by influencing the rhizosphere microbiome of sorghum. **Journal of Hazardous Materials**, v. 469, p. 134085, 2024.

LYNCH, James M.; LEIJ, Frans. Rhizosphere. Em: ELS (Ed.). **Encyclopedia of Life Sciences**. Chichester: John Wiley & Sons, Ltd., 2012.

MA, Yecheng et al. *Nocardioides*: “specialists” for hard-to-degrade pollutants in the environment. **Molecules**, v. 28, n. 21, p. 1-18, 2023.

MATARANYIKA, Paidamoyo N. et al. Rhizospheric, seed, and root endophytic-associated bacteria of drought-tolerant legumes grown in arid soils of Namibia. **Heliyon**, v. 10, n. 17, p. 1-12, 2024.

MCMURDIE, Paul J.; HOLMES, Susan. phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. **PLoS one**, v. 8, n. 4, p. 1-11, 2013.

MEENA, Kamlesh K. et al. Abiotic stress responses and microbe-mediated mitigation in plants: The omics strategies. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1-25, 2017.

MELO, Alberto S. et al. Water restriction in cowpea plants [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]: Metabolic changes and tolerance induction. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 26, n. 3, p. 1-8, 2022.

MENDES, Lucas William et al. Influence of resistance breeding in common bean on rhizosphere microbiome composition and function. **ISME Journal**, v. 12, n. 1, p. 212-224, 2018.

MUKHTAR, Salma et al. Impact of soil salinity on the cowpea nodule-microbiome and the isolation of halotolerant pgpr strains to promote plant growth under salinity stress. **Phytobiomes Journal**, v. 4, n. 4, p. 364–374, 2020.

NGALAMU, Tony; ODRA, James; TONGUN, Nixon. Cowpea production and book. **IFS/AGRA**, 2015.

NKOMO, Gabriel V.; SEDIBE, Moosa M.; MOFOKENG, Maletsema A. Production constraints and improvement strategies of Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) genotypes for drought tolerance. **International Journal of Agronomy**, v. 2021, p. 1-9, 2021.

OKSANEN, Jari et al. vegan: an R package for community ecologists. CRAN: RStudio, 2025

OLIVEIRA, Adolfo Marcito Campos et al. Produção de alimentos na base do feijão-caupi (*Vigna unguiculata*): importância nutricional e benefícios para a saúde. **Research, Society**

and Development, v. 10, n. 14, p. 1-14, 2021.

PASQUET, Remy S.; FELEKE, Yonas; GEPTS, Paul. Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] maternal lineages, chloroplast captures, and wild cowpea evolution. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 68, n. 7, p. 2799-2812, 2021.

PÉREZ-JARAMILLO, Juan E., et al. Linking rhizosphere microbiome composition of wild and domesticated *Phaseolus vulgaris* to genotypic and root phenotypic traits. **The ISME journal**, v. 11, n. 10, p. 2244-2257, 2017.

PÉREZ-JARAMILLO, Juan E.; MENDES, Rodrigo; RAAIJMAKERS, Jos. M. Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions. **Plant Molecular Biology**, v. 90, n. 6, p. 635-644, 2016.

PERSA, Reyna; RIBEIRO, Pedro Cesar de Oliveira; JARQUIN, Diego. The use of high-throughput phenotyping in genomic selection context. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, p. 1-11, 2021.

PHILIPPOT, Laurent et al. Going back to the roots: The microbial ecology of the rhizosphere. **Nature Reviews Microbiology**, v. 11, n. 11, p. 789-799, 2013.

RADL, Viviane et al. *Microvirga vignae* sp. nov., a root nodule symbiotic bacterium isolated from cowpea grown in semi-arid Brazil. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 64, n. Pt_3, p. 725-730, 2014.

ROCHA, Maurisrael de Moura et al. BioFORT: saúde na mesa do brasileiro. **Embrapa Meio-Norte**, 2014.

ROUT, Marnie. E. The Plant Microbiome. **Advances in Botanical Research**, v. 69, p. 279–309, 2014.

SAMREEN, Tayyaba et al. Seed associated bacterial and fungal endophytes: Diversity, life cycle, transmission, and application potential. **Applied Soil Ecology**, v. 168, p. 1-14, 2021.

SARAO, Sukhvir K. et al. Bradyrhizobium and the soybean rhizosphere: Species level bacterial population dynamics in established soybean fields, rhizosphere and nodules. **Plant and Soil**, v. 508, n. 1, p. 515-530, 2025.

SEMCHENKO, Marina et al. Deciphering the role of specialist and generalist plant–microbial interactions as drivers of plant–soil feedback. **New Phytologist**, v. 234, n. 6, p. 1929-1944, 2022.

SILVA, Alexandre Carneiro et al. Cowpea: A Strategic Legume Species for Food Security and Health. Em: JIMENEZ-LOPEZ, Jose; CLEMENTE, Alfonso. (Eds.). **Legume Seed Nutraceutical Research**. Rijeka: IntechOpen, 2019. p. 96.

SILVA, Marina Borges de Oliveira et al. Desempenho agronómico de genótipos de feijão-caupi. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41, n. 4, p. 1059-1066, 2018.

SMÝKAL, Petr et al. The impact of genetic changes during crop domestication. **Agronomy**,

v. 8, n. 7, p. 1-22, 2018.

SOLDAN, Riccardo et al. The effect of plant domestication on host control of the microbiota. **Communications biology**, v. 4, n. 1, p. 1-9, 2021.

TARTAGLIA, Maria et al. Management impacts rhizosphere composition and gene expression in vineyards. **Rhizosphere**, v. 32, p. 1-11, 2024.

TRUYENS, Sascha et al. Bacterial seed endophytes: Genera, vertical transmission and interaction with plants. **Environmental Microbiology Reports**, v. 7, n. 1, p. 1-11, 2014.

VANDENKOORNHUYSE, Philippe et al. The importance of the microbiome of the plant holobiont. **New Phytologist**, v. 206, n. 4, p. 1196-1206, 2015.

VIAENE, Tom et al. Streptomyces as a plant's best friend?. **FEMS microbiology ecology**, v. 92, n. 8, p. 1-10, 2016.

WANG, Haocheng et al. Effects of long-term winter cropping on paddy rice yield, soil properties and rhizosphere bacterial community in Southern China. **Field Crops Research**, v. 322, p. 1-15, 2025.

WEI, Zhong; JOUSSET, Alexandre. Plant Breeding Goes Microbial. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 7, p. 555-558, 2017.

XIONG, Haizheng et al. Genetic diversity and population structure of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **PLoS ONE**, v. 11, n. 8, p. 1-15, 2016.

XU, Qicheng et al. Microbial generalists and specialists differently contribute to the community diversity in farmland soils. **Journal of Advanced Research**, v. 40, p. 17-27, 2022.

YU, Yao et al. Soil CN and microbial community were altered by polybutylene adipate terephthalate microplastics. **Journal of Hazardous Materials**, v. 493, p. 1-16, 2025.

ZHANG, Binglin, et al. Variation in actinobacterial community composition and potential function in different soil ecosystems belonging to the arid Heihe River Basin of Northwest China. **Frontiers in microbiology**, v. 10, p. 1-11, 2019.

ZHAO, Xiuyun et al. Changes of rhizosphere microbiome and metabolites in *Meloidogyne incognita* infested soil. **Plant and Soil**, v. 483, n. 1, p. 331-353, 2023.