REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

INTERPRETAÇÃO METAGENÔMICA DO SOLO E DA PALHADA: POTENCIAL FUNCIONAL, RISCOS FITOSSANITÁRIOS E CRITÉRIOS DE VALIDAÇÃO DIAGNÓSTICA EM SISTEMAS AGRÍCOLAS

METAGENOMIC INTERPRETATION OF SOIL AND CROP RESIDUES: FUNCTIONAL POTENTIAL, PHYTOSANITARY RISKS AND DIAGNOSTIC VALIDATION CRITERIA IN AGRICULTURAL SYSTEMS

INTERPRETACIÓN METAGENÓMICA DEL SUELO Y DE LOS RESIDUOS VEGETALES: POTENCIAL FUNCIONAL, RIESGOS FITOSANITARIOS Y CRITERIOS DE VALIDACIÓN DIAGNÓSTICA EN SISTEMAS AGRÍCOLAS

Erich dos Reis Duarte

Professor Doutor, Universidade do Norte do Paraná – BR

E-mail: Erich.duarte@bol.com.br

Adilson de Oliveira

Engenheiro Agrônomo, Orquidário Shekynah - BR

E-mail: Adilson_oliveira@yahoo.com.br

Aline Vanessa Sauer

Professora Doutora, Universidade Estadual de Ponta Grossa - BR

E-mail: Aline.sauer@uepg.br

Camila Ferreira Miyashiro

Professora Doutora,Universidade do Norte do Paraná – BR

E-mail: Camila.miyashiro@uenp.edu.br

Marcelo José Ragazzi

Discente do curso de Agronomia da Universidade do Norte do Paraná - PR

E-mail: mjragazzi3780@gmail.com

Bruno Rafael Vasconcelos

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Ligier de Tecnologia de Aplicação – Bandeirantes – Pr.

E-mail: brunorafa.vasconcelos@gmail.com

Pamela Mayara Aparecida Pinheiro

Discente do curso de Agronomia da Universidade do Norte do Paraná - PR

E-mail: pamelamayara673@gmail.com

RESUMO

A análise metagenômica do solo e dos resíduos vegetais amplia as possibilidades de caracterização das comunidades microbianas e de investigação do potencial genético associado aos sistemas agrícolas. Entretanto, a interpretação desses resultados exige distinguir detecção de sequências, identificação taxonômica, abundância relativa, quantificação absoluta, viabilidade, expressão gênica, atividade metabólica e efeito agronômico. Este artigo apresenta uma revisão narrativa técnico-científica e crítica sobre os fundamentos e os limites da interpretação metagenômica em solo e palhada, com ênfase na distinção entre sequenciamento de amplicons e metagenômica shotgun, na interpretação de grupos microbianos de interesse agronômico, na avaliação de organismos potencialmente associados a doenças e na integração de evidências moleculares, bioquímicas e fitopatológicas. Discute-se que perfis de abundância relativa são dados composicionais e não equivalem, por si sós, à densidade populacional ou à atividade dos organismos. Também são examinadas as limitações da quantificação por PCR em tempo real e as condições necessárias à validação analítica dos ensaios. Como contribuição, apresenta-se uma estrutura conceitual de organização da evidência, que conecta a qualidade do dado molecular à interpretação biológica e à decisão agronômica. O valor de 2% é registrado apenas como referência histórica de um critério interno preliminar, sem validação diagnóstica independente e sem recomendação de uso. Conclui-se que a metagenômica é útil para caracterizar comunidades e formular hipóteses, mas não deve, isoladamente, fundamentar diagnósticos fitossanitários ou recomendações de manejo.

Palavras-chave: Microbioma do solo; Sequenciamento de DNA; Microbiologia agrícola; Diagnóstico molecular; Saúde do solo.

ABSTRACT

Metagenomic analysis of soil and crop residues expands the possibilities for characterizing microbial communities and investigating the genetic potential associated with agricultural systems. However, interpretation requires distinguishing sequence detection, taxonomic identification, relative abundance, absolute quantification, viability, gene expression, metabolic activity, and agronomic effects. This article presents a critical technical-scientific narrative review of the principles and limitations of metagenomic interpretation in soil and crop residues, focusing on the distinction between amplicon sequencing and shotgun metagenomics, the interpretation of microbial groups of agronomic interest, the assessment of organisms potentially associated with plant diseases, and the integration of molecular, biochemical, and phytopathological evidence. Relative-abundance profiles are discussed as compositional data that do not, by themselves, represent population density or microbial activity. The limitations of real-time quantitative PCR and the requirements for analytical validation are also examined. The article proposes a conceptual evidence framework connecting molecular data quality to biological interpretation and agronomic decision-making. The 2% value is recorded solely as the historical reference of a preliminary internal criterion, without independent

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

diagnostic validation and without recommendation for use. Metagenomics is therefore useful for community characterization and hypothesis generation but should not, on its own, support phytosanitary diagnoses or management recommendations.

Keywords: Soil microbiome; DNA sequencing; Agricultural microbiology; Molecular diagnosis; Soil health.

RESUMEN

El análisis metagenómico del suelo y de los residuos vegetales amplía las posibilidades de caracterizar las comunidades microbianas e investigar el potencial genético asociado a los sistemas agrícolas. Sin embargo, la interpretación requiere distinguir la detección de secuencias, la identificación taxonómica, la abundancia relativa, la cuantificación absoluta, la viabilidad, la expresión génica, la actividad metabólica y los efectos agronómicos. Este artículo presenta una revisión narrativa técnico-científica y crítica de los fundamentos y las limitaciones de la interpretación metagenómica en suelo y residuos vegetales, con énfasis en la diferencia entre la secuenciación de amplicones y la metagenómica shotgun, la interpretación de grupos microbianos de interés agronómico, la evaluación de organismos potencialmente asociados a enfermedades y la integración de evidencias moleculares, bioquímicas y fitopatológicas. Se discute que los perfiles de abundancia relativa son datos composicionales y no equivalen, por sí solos, a la densidad poblacional ni a la actividad de los organismos. También se examinan las limitaciones de la PCR cuantitativa en tiempo real y los requisitos para la validación analítica. Se propone una estructura conceptual para organizar la evidencia y conectar la calidad del dato molecular con la interpretación biológica y la decisión agronómica. El valor del 2% se registra únicamente como referencia histórica de un criterio interno preliminar, sin validación diagnóstica independiente y sin recomendación de uso. Se concluye que la metagenómica es útil para caracterizar comunidades y formular hipótesis, pero no debe fundamentar por sí sola diagnósticos fitosanitarios ni recomendaciones de manejo.

Palabras clave: Microbioma del suelo; Secuenciación de ADN; Microbiología agrícola; Diagnóstico molecular; Salud del suelo.

1. INTRODUÇÃO

O solo constitui um dos ambientes biologicamente mais complexos da biosfera. Bactérias, arqueias, fungos, vírus, nematoides e outros componentes da biota participam de processos como decomposição da matéria orgânica, mineralização e ciclagem de nutrientes, dinâmica do carbono e do nitrogênio e interações com as plantas. A composição e a estrutura dessas comunidades são condicionadas por propriedades físicas e químicas do solo, disponibilidade de substratos, clima, histórico de manejo e características da vegetação (JANSSON; HOFMOCKEL, 2020; DELGADO-BAQUERIZO et al., 2020). A caracterização microbiológica pode, portanto, ampliar a compreensão dos processos ecológicos relacionados à sustentabilidade e à produtividade agrícola.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

A palhada e os resíduos vegetais mantidos na superfície em sistemas conservacionistas constituem compartimentos ecológicos distintos do solo mineral. A composição do resíduo, incluindo a relação carbono/nitrogênio e a proporção de componentes estruturais, condiciona a decomposição e a sucessão das comunidades microbianas. A cobertura também modifica as condições de temperatura e umidade na interface solo-atmosfera e pode abrigar organismos decompositores, endofíticos ou potencialmente associados a doenças. Por isso, resultados obtidos em solo e palhada não devem ser considerados equivalentes sem atenção à matriz, à amostragem e à finalidade analítica (CHAVES et al., 2021; KERDRAON; LAVAL; SUFFERT, 2019).

O desenvolvimento do sequenciamento de alto rendimento ampliou o acesso à diversidade microbiana não recuperada por métodos convencionais de cultivo. Essas ferramentas permitem caracterizar comunidades e investigar repertórios genéticos, mas não eliminam vieses associados à coleta, extração de ácidos nucleicos, amplificação, sequenciamento, processamento bioinformático e bases de referência (FIERER, 2017; KNIGHT et al., 2018; LIU et al., 2025).

Uma distinção essencial é aquela entre caracterização taxonômica e inferência funcional. O sequenciamento de amplicons utiliza marcadores, como 16S rRNA para bactérias e arqueias e ITS para fungos, enquanto a metagenômica shotgun analisa fragmentos do DNA total da amostra. Nenhuma dessas abordagens, quando baseada apenas em DNA, comprova expressão gênica, atividade metabólica, viabilidade celular ou efeito causal sobre a planta. A persistência de DNA extracelular ou proveniente de células mortas pode influenciar a interpretação de resultados ambientais (CARINI et al., 2017; PROSSER, 2020).

A mesma cautela se aplica à interpretação de gêneros de interesse agronômico. A detecção de Bacillus, Pseudomonas, Bradyrhizobium ou Trichoderma não demonstra automaticamente promoção de crescimento, fixação biológica de nitrogênio ou biocontrole. De modo análogo, a detecção de Fusarium, Rhizoctonia ou Sclerotinia não confirma patogenicidade, infecção ativa ou risco econômico. A interpretação deve respeitar a resolução do método e considerar hospedeiro, matriz, histórico da área, sintomas e evidências complementares.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Os dados de sequenciamento também apresentam natureza composicional: as abundâncias relativas expressam proporções dentro do conjunto de leituras analisadas. Uma alteração percentual pode ocorrer sem mudança correspondente na quantidade absoluta do táxon, em razão de alterações nos demais componentes da comunidade (GLOOR et al., 2017; QUINN et al., 2019). Assim, percentuais não devem ser convertidos diretamente em células viáveis por grama de solo ou em atividade metabólica.

Diante desse contexto, o objetivo deste artigo é revisar criticamente os fundamentos e as limitações da interpretação metagenômica do solo e da palhada, discutir grupos microbianos de interesse agronômico, examinar os limites da detecção de organismos potencialmente fitopatogênicos e apresentar uma estrutura conceitual de organização da evidência para apoiar interpretações e decisões técnicas proporcionais ao nível de informação disponível.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. Sequenciamento de amplicons, metagenômica shotgun e metabolômica

O sequenciamento de amplicons, também denominado metabarcoding, utiliza a amplificação de regiões genéticas selecionadas para descrever a composição e a diversidade de comunidades. Para bactérias e arqueias, são empregadas regiões do gene 16S rRNA; para fungos, regiões do espaçador transcrito interno (ITS). A escolha de primers, região-alvo, protocolo de extração, plataforma e base taxonômica influencia o perfil observado. Diferenças no número de cópias dos marcadores, eficiência de amplificação e resolução do fragmento podem limitar comparações e identificação em nível de espécie (ABELLAN-SCHNEYDER et al., 2021; TEDERSOO et al., 2022; KAUSERUD, 2023; ALTEIO et al., 2021).

A metagenômica shotgun sequencia fragmentos do DNA total extraído da matriz, sem depender de amplificação de um marcador específico. Pode fornecer informações taxonômicas e sobre genes presentes na comunidade. Entretanto, a resolução obtida não é invariável nem garante identificação completa de espécies ou linhagens. Ela depende da profundidade e qualidade do sequenciamento, da

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

complexidade da amostra, da cobertura, da montagem, dos algoritmos e da representatividade das bases de referência (NEW; BRITO, 2020; TREICHEL et al., 2026).

A inferência de funções a partir de genes detectados deve ser descrita como potencial genético. Ferramentas de predição funcional baseadas em amplicons, como PICRUSt2, estimam repertórios com base em relações filogenéticas e referências disponíveis; não equivalem à medição direta do metagenoma funcional ou da atividade (DOUGLAS et al., 2020). Metatranscriptômica, metaproteômica e metabolômica podem acrescentar dimensões complementares, mas cada abordagem possui limitações próprias (ARIKAN; MUTH, 2023).

A metabolômica identifica ou quantifica compostos presentes na matriz dentro das condições de coleta e análise. A detecção de um metabólito, isoladamente, não identifica necessariamente sua origem biológica, o organismo responsável, a taxa de produção ou consumo, nem o fluxo metabólico. Compostos podem derivar da planta, de microrganismos, da fauna ou de processos abióticos, além de sofrer sorção, degradação e transformação. A interpretação deve considerar desenho analítico, padrões, controles, identificação química e contexto ecológico (BROWN et al., 2024).

2.2. Diferenças entre solo e palhada como compartimentos microbianos

O solo mineral e a camada superficial de resíduos vegetais (palhada) representam compartimentos ecológicos distintos, caracterizados por gradientes microambientais e restrições físico-químicas que influenciam as comunidades microbianas (GIL-MARTÍNEZ et al., 2021). No solo, a distribuição espacial e a atividade da biota são reguladas por parâmetros como textura mineral, estrutura e grau de compactação, pH, capacidade de troca catiônica, teor de carbono orgânico total, umidade, regime térmico e aeração, com destaque para a zona rizosférica, fortemente influenciada pela exsudação radicular (DELGADO-BAQUERIZO et al., 2020).

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Por outro lado, a palhada constitui um habitat dinâmico, cuja composição e decomposição dependem da qualidade do resíduo, da relação C/N, da posição na superfície e das condições ambientais. Esses fatores influenciam a sucessão de comunidades microbianas e a disponibilidade de substratos (CHAVES et al., 2021; KERDRAON; LAVAL; SUFFERT, 2019). Consequentemente, a estrutura taxonômica e os processos microbianos associados à palhada podem diferir daqueles observados no solo subjacente. Essas diferenças refletem nichos ecológicos distintos e exigem que a matriz, a amostragem e a finalidade analítica sejam consideradas na interpretação.

2.3. Grupos microbianos de interesse agronômico e potencial funcional

Diversos gêneros bacterianos e fúngicos são investigados na agricultura devido ao seu possível envolvimento em processos como promoção do crescimento vegetal e ciclagem de nutrientes (BACKER et al., 2018). Espécies e estirpes pertencentes aos gêneros Bacillus e Pseudomonas podem apresentar características como solubilização de fosfatos, produção de sideróforos e síntese de fitormônios. Contudo, essas características variam entre espécies e estirpes e dependem do contexto edafoclimático e da planta hospedeira (BLAKE et al., 2021). A detecção de sequências atribuídas a esses gêneros não demonstra que tais mecanismos estejam sendo expressos no campo nem que exista resposta agronômica mensurável.

No tocante à simbiose fixadora de nitrogênio em leguminosas, o gênero *Bradyrhizobium* assume relevância econômica incontestável na cultura da soja (*Glycine max*) (HUNGRIA; MENDES, 2015). A identificação de sequências genéticas atribuídas ao gênero *Bradyrhizobium* no solo não comprova a compatibilidade simbiótica com a cultivar implantada, nem a ocorrência de nodulação efetiva, fixação biológica ativa de nitrogênio ou contribuição nutricional real para o desenvolvimento vegetal (CAMPOS et al., 2001; THILAKARATHNA; RAIZADA, 2017). Evidências complementares — como a quantificação da nodulação funcional, a avaliação da atividade da nitrogenase e análises de tecido

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

vegetal — são indispensáveis para validar a eficácia agronômica do processo simbiótico.

De forma análoga, os fungos do gênero *Trichoderma* despertam expressivo interesse científico e comercial devido ao seu potencial antagônico contra fitopatógenos, capacidade de micoparasitismo e indução de resistência sistêmica adquirida nas plantas (WOO et al., 2023). No entanto, a diversidade de mecanismos descrita na literatura para o gênero não assegura que todas as linhagens nativas detectadas possuam tais propriedades biocontroladoras, nem que estejam exercendo atividade supressiva sob as condições ambientais vigentes na área amostrada. A prospecção metagenômica de *Trichoderma spp.* deve ser tratada estritamente como a detecção de um grupo funcionalmente diverso, cuja eficácia prática exige isolamento, caracterização estirpe-específica e validação empírica rigorosa (KERDRAON et al., 2019).

2.4. Microrganismos associados à fixação biológica de nitrogênio

O gênero *Bradyrhizobium* possui relevância agronômica, especialmente pela participação na simbiose com leguminosas, incluindo a soja. Algumas espécies e linhagens apresentam capacidade de formar nódulos radiculares e contribuir para a fixação biológica de nitrogênio.

A identificação de sequências relacionadas a *Bradyrhizobium* no solo, entretanto, não permite concluir que exista nodulação efetiva ou contribuição nutricional mensurável para a cultura.

A eficiência do processo depende da compatibilidade entre microrganismo e hospedeiro, da identidade e viabilidade da estirpe, das condições do solo, da disponibilidade de nutrientes e de outros fatores ambientais (HUNGRIA et al., 2020).

A avaliação agronômica deve considerar indicadores complementares, como número e massa de nódulos, distribuição na raiz, atividade nodular,

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

desenvolvimento vegetal e, quando necessário, parâmetros de nutrição e produtividade.

A presença de DNA de grupos associados à fixação biológica de nitrogênio constitui informação de interesse, mas não substitui a avaliação direta da simbiose.

2.5. Organismos potencialmente associados a problemas fitossanitários

A identificação de sequências relacionadas a gêneros como *Fusarium*, *Rhizoctonia* e *Sclerotinia* pode ser relevante para a investigação fitossanitária, especialmente quando existe histórico de doenças, sintomas ou condições ambientais favoráveis à ocorrência de patógenos.

Entretanto, esses gêneros apresentam diversidade taxonômica e funcional. A identificação em nível de gênero não é suficiente para determinar patogenicidade, especificidade de hospedeiro ou potencial de causar perdas agrícolas.

No gênero *Fusarium*, por exemplo, existem espécies e complexos de espécies com diferentes características ecológicas, relações com hospedeiros e capacidades de causar doenças. A identificação precisa pode exigir marcadores moleculares adequados e análises filogenéticas, uma vez que regiões genéticas isoladas podem não apresentar resolução suficiente para determinadas espécies e complexos (O'DONNELL et al., 2022).

A presença de sequências de *Fusarium* em uma amostra de solo ou palhada não demonstra automaticamente que o organismo seja patogênico, viável ou responsável por sintomas na cultura.

De forma semelhante, a detecção de *Rhizoctonia* ou *Sclerotinia* deve ser interpretada considerando a resolução taxonômica, a espécie, o hospedeiro, a matriz, a ocorrência de sintomas e a confirmação por métodos fitopatológicos específicos.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Quando houver suspeita de doença, a informação metagenômica deve ser integrada à avaliação visual das plantas, ao histórico da área, ao diagnóstico laboratorial e, quando apropriado, ao isolamento e à caracterização do agente.

2.6. Abundância relativa e quantificação

A abundância relativa corresponde à proporção de leituras atribuídas a determinado táxon em relação ao total considerado na biblioteca. Como os dados estão sujeitos a uma soma constante, a participação percentual de um grupo depende também da variação dos demais. Aumento relativo não significa necessariamente aumento absoluto; redução relativa tampouco demonstra diminuição populacional (GLOOR et al., 2017; QUINN et al., 2019).

Quando a pergunta exige estimar carga ou quantidade absoluta, podem ser necessárias abordagens complementares, como qPCR, PCR digital, padrões internos ou métodos quantitativos compatíveis com a matriz. A escolha deve considerar o alvo, a unidade de expressão, a eficiência do método e a possibilidade de inibição ou viés de extração (VANDEPUTTE et al., 2017; WANG et al., 2021; CAMACHO-SÁNCHEZ, 2024). Mesmo uma quantificação molecular absoluta de cópias-alvo não equivale automaticamente ao número de células viáveis, pois o número de cópias gênicas por genoma, a presença de DNA extracelular e a especificidade do ensaio afetam essa interpretação.

2.7. Indicadores complementares de qualidade biológica do solo

A interpretação do microbioma pode ser ampliada pela integração com indicadores físicos, químicos e biológicos do solo.

Entre os parâmetros físico-químicos relevantes estão pH, matéria orgânica, carbono, nitrogênio, fósforo, potássio, micronutrientes, textura, densidade e condições de compactação.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Indicadores biológicos e bioquímicos, como atividades enzimáticas relacionadas aos ciclos do carbono, nitrogênio e fósforo, também podem contribuir para a avaliação do funcionamento do solo.

No Brasil, iniciativas como a plataforma BioAS da Embrapa demonstram a importância de integrar indicadores biológicos à avaliação da saúde do solo.

Entretanto, indicadores enzimáticos não identificam diretamente os organismos responsáveis pela atividade observada. Uma determinada atividade bioquímica pode resultar da contribuição de diferentes grupos microbianos e processos ambientais (BANDICK; DICK, 1999).

Assim, a integração entre metagenômica, indicadores bioquímicos e análises físico-químicas deve ser compreendida como uma abordagem complementar, e não como equivalência entre métodos.

2.8. qPCR: escopo e validação analítica

A PCR quantitativa em tempo real (qPCR) é uma técnica direcionada à quantificação de sequências-alvo específicas. Sua utilidade depende da adequação dos iniciadores e sondas, da especificidade, da qualidade do material, da eficiência de amplificação e do desempenho na matriz analisada. A interpretação requer descrição transparente do desenho do ensaio e dos controles, conforme recomendações de relato e validação, incluindo as diretrizes MIQE (BUSTIN et al., 2025).

Entre os elementos que devem ser avaliados, conforme o objetivo e o ensaio, estão curva padrão e eficiência, faixa dinâmica, limite de detecção e limite de quantificação, especificidade, repetibilidade, reprodutibilidade, controles positivos e negativos, controle sem molde, controle de extração e avaliação de inibição da reação. A normalização e a estratégia de quantificação devem ser justificadas. Para matrizes complexas como solo e palhada, a validação deve considerar efeitos de compostos inibidores e diferenças de recuperação do DNA.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

O resultado de qPCR deve ser expresso na unidade efetivamente sustentada pelo método, por exemplo, número estimado de cópias do alvo por massa de matriz, quando houver calibração e recuperação apropriadas. Não se deve converter automaticamente cópias gênicas em células, biomassa, viabilidade ou infectividade. Ensaios baseados em DNA detectam o alvo genético, mas não distinguem necessariamente células vivas de DNA residual. Quando a pergunta envolver RNA e expressão, é necessária estratégia apropriada de RT-qPCR, com controles específicos.

Assim, a qPCR pode complementar o sequenciamento ao investigar um alvo definido, mas não substitui por si só a identificação taxonômica ampla, a confirmação de viabilidade ou o diagnóstico de doença. A interpretação deve ser proporcional à validação efetivamente realizada.

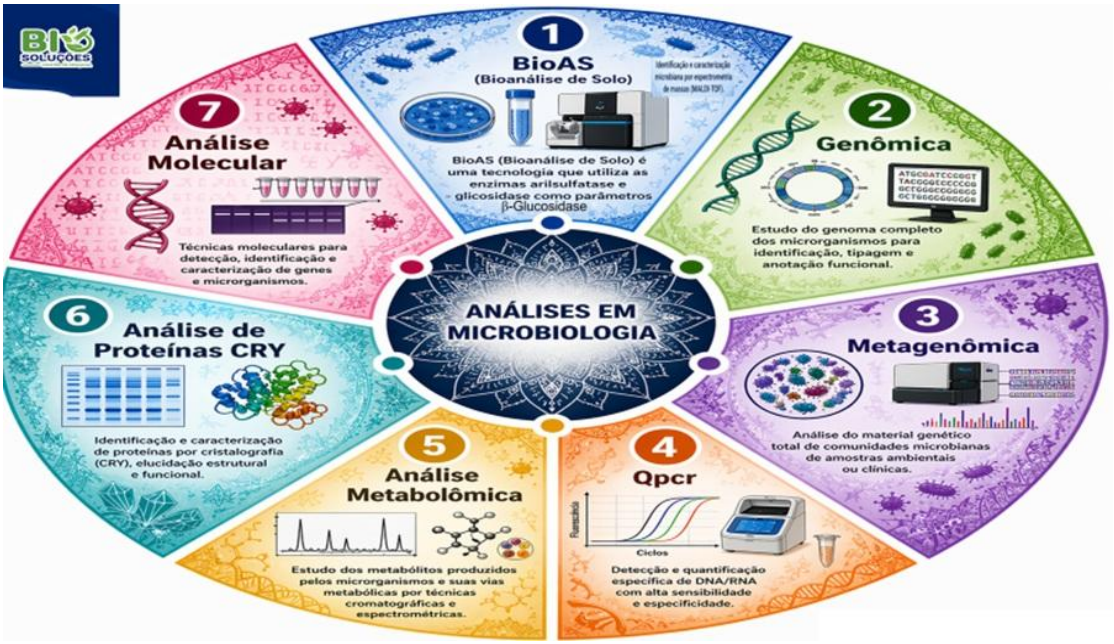
2.9. Tipos e aplicações de análises laboratoriais em microbiologia agrícola e multiômica

A evolução das análises aplicadas aos sistemas agrícolas ampliou o conjunto de ferramentas moleculares, bioquímicas e multiômicas disponíveis para investigar diferentes dimensões do solo e da palhada. Essas abordagens não são intercambiáveis: cada uma responde a perguntas específicas e apresenta limites próprios. A Figura 1, elaborada pelos autores, sintetiza modalidades analíticas que podem ser utilizadas de forma complementar, conforme a hipótese investigada.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Figura 1. Modalidades analíticas complementares aplicáveis à caracterização de matrizes agrícolas e ambientais.



Fonte: Professor Dr. Erich Duarte (2026)

Conforme apresentado na Figura 1, o esquema reúne sete eixos analíticos complementares, que não devem ser interpretados como etapas obrigatórias nem como métodos equivalentes:

1. **BioAS (Bioanálise de Solo):** Utiliza parâmetros bioquímicos e enzimáticos — como as enzimas arilsulfatase e β-glicosidase — para mensurar o nível de funcionamento biológico e a ciclagem de nutrientes no solo.
2. **Genômica:** Foco no estudo do genoma completo de microrganismos isolados para fins de identificação taxonômica refinada, tipagem e anotação funcional.
3. **Metagenômica:** Análise do material genético total extraído diretamente de comunidades microbianas em amostras ambientais (solo ou palhada), permitindo avaliar a diversidade e o potencial genético sem a necessidade de cultivo laboratorial.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

4. **qPCR (PCR quantitativa em tempo real)**: método direcionado à detecção e quantificação de sequências-alvo específicas. O desempenho depende do ensaio, da matriz, dos controles e da validação analítica. Quando o alvo for RNA, é necessária etapa de transcrição reversa (RT-qPCR).
5. Análise metabolômica: identificação ou quantificação de metabólitos presentes na amostra, dentro das condições analíticas utilizadas. A detecção de um composto não determina, isoladamente, sua origem biológica, o organismo responsável, a taxa de produção ou consumo, nem o fluxo metabólico.
6. **Análise de Proteínas CRY:** Identificação e caracterização de proteínas cristalinas (CRY) por cristalografia, elucidando sua estrutura e funcionalidade agronômica, comumente ligadas a bioprodutos e eventos biotecnológicos.
7. **Análise Molecular Geral:** Conjunto de técnicas moleculares voltadas à triagem, detecção, identificação e caracterização estrutural de genes e microrganismos de interesse fitossanitário.

A integração dessas frentes analíticas pode ampliar a interpretação quando cada resultado é relacionado à pergunta investigada e às limitações do respectivo método. A combinação de técnicas, por si só, não assegura diagnóstico ou decisão agronômica robusta.

3. METODOLOGIA

3.1. Natureza e delineamento da revisão

Este trabalho caracteriza-se exclusivamente como revisão narrativa técnico-científica, de natureza descritiva, crítica e interpretativa. Seu propósito é discutir conceitos, métodos, limites de inferência e implicações agronômicas da interpretação metagenômica do solo e da palhada. Não constitui pesquisa experimental primária, revisão sistemática, revisão de escopo ou metanálise. A síntese foi organizada por eixos temáticos, com leitura crítica de publicações e

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

documentos técnico-científicos pertinentes ao objetivo do artigo. A natureza narrativa implica que não se pretende afirmar exaustividade da recuperação bibliográfica nem estimar efeitos por síntese estatística (BAETHGE; GOLDBECK-WOOD; MERTENS, 2019).

3.1.1. Considerações ilustrativas para o planejamento da amostragem de solo e palhada

As orientações a seguir são apresentadas como considerações gerais para o planejamento de amostragens destinadas a análises moleculares; não constituem procedimento operacional padronizado nem protocolo validado neste artigo. O desenho amostral deve ser definido em função da pergunta analítica, da heterogeneidade da área, da cultura, da matriz e do alvo molecular. Solo mineral e palhada devem ser coletados e identificados como compartimentos distintos, sem mistura automática entre matrizes.

1. **Amostragem do solo:** a profundidade de coleta deve ser justificada pela pergunta investigada e pelo sistema de produção. A camada de 0 a 10 cm pode ser considerada em estudos voltados à superfície, mas não deve ser adotada como padrão universal. Número, distribuição e massa das subamostras, dimensões da área amostrada e formação de amostras compostas precisam ser definidos e registrados no plano amostral.
2. **Amostragem da palhada:** a coleta deve preservar a identidade do resíduo e sua posição na superfície, registrando espécie/cultura de origem, estágio de decomposição e relação espacial com o solo. O procedimento deve ser definido separadamente daquele empregado para o solo mineral.
3. **Preservação da amostra:** condições de acondicionamento, temperatura, prazo até o processamento e eventual uso de estabilizador devem ser compatíveis com a matriz e com o analito de interesse (DNA, RNA, proteína ou metabólitos). Não se presume que uma única condição preserve igualmente todos esses componentes nem que interrompa instantaneamente toda atividade biológica.
4. **Rastreabilidade:** registrar georreferenciamento, identificação da unidade amostral, cultura, histórico de manejo, fertilidade, produtos aplicados, data,

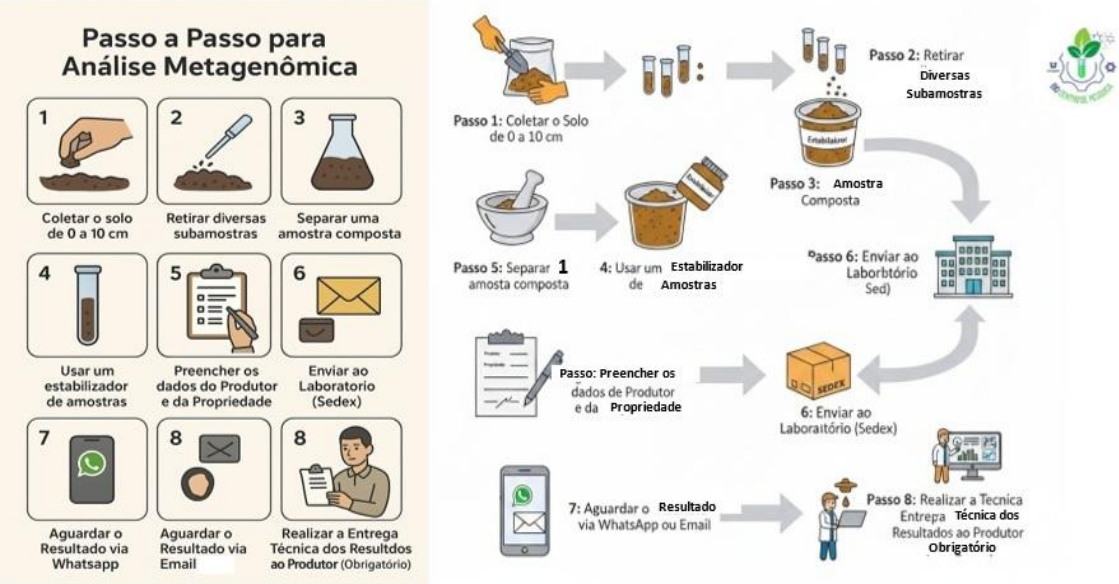
REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

horário, condições ambientais e responsável pela coleta. Transporte e armazenamento devem seguir as exigências do laboratório e do método contratado.

5. **Processamento, emissão e suporte técnico:** Após o processamento bioinformático, a transmissão digital dos laudos é sucedida obrigatoriamente pela etapa de entrega e interpretação técnica junto ao produtor/engenheiro agrônomo responsável, garantindo a contextualização dos dados moleculares à luz do histórico físico-químico e fitossanitário da propriedade.

Figura 2. Esquema ilustrativo de aspectos a considerar no planejamento, identificação, acondicionamento e transporte de amostras de solo destinadas à análise molecular.



Fonte: Professor Dr. Erich Duarte (2026)

3.2. Estratégia de busca e seleção da literatura (2020–2026)

A busca bibliográfica foi conduzida nas bases Scopus, Web of Science, PubMed e SciELO, tendo como intervalo principal publicações de janeiro de 2020 a agosto de 2026. Foram considerados termos em inglês e português relacionados a microbioma do solo, resíduos vegetais, sequenciamento de amplicons, 16S rRNA,

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

ITS, metagenômica shotgun, metabolômica, saúde do solo, qPCR e Fusarium. Trabalhos anteriores a 2020 foram mantidos apenas quando utilizados como referências fundacionais ou metodológicas, e não como parte do intervalo principal. A data exata de execução, os campos pesquisados e as adaptações da estratégia para cada base devem ser completados pelos autores com base nos registros originais: As buscas foram executadas entre 28 de agosto e 11 de novembro de 2026, abrangendo os campos de título, resumo e palavras-chave (*TITLE-ABS-KEY* na Scopus; *Tópico/TS* na Web of Science; e *Todos os índices* na SciELO). Para cada plataforma, a estratégia foi adaptada conforme a sintaxe nativa de truncamento e operadores booleanos.

A estratégia combinou termos livres em português e inglês por operadores booleanos. Não se atribui a todos os termos a condição de descritores controlados, pois essa classificação depende da conferência dos vocabulários e dos registros efetivamente consultados. A expressão abaixo representa a chave temática utilizada como referência, devendo ser confrontada com os históricos de busca de cada base antes da submissão.

("soil microbiome" OR "microbioma do solo" OR "crop residues" OR "palhada de soja") AND ("amplicon sequencing" OR "16S rRNA" OR "ITS" OR "shotgun metagenomics" OR "metagenômica shotgun" OR "metabolomics" OR "metabolômica") AND ("soil health" OR "saúde do solo" OR "quantitative PCR" OR "qPCR" OR "Fusarium")

Critérios de Elegibilidade e Triagem

- **Critérios de inclusão:** Foram selecionados artigos originais de pesquisa, revisões sistemáticas ou narrativas e documentos técnicos revisados por pares publicados entre janeiro de 2020 e agosto de 2026, que abordassem diretamente a ecologia microbiana de solos agrícolas, limitações de dados composicionais, dinâmica de resíduos vegetais ou validação diagnóstica molecular.
- **Critérios de exclusão:** Desconsideraram-se editoriais, cartas ao editor, resumos simples publicados em anais de congressos sem revisão por pares,

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

e estudos cujo escopo metodológico estivesse restrito a ambientes clínicos ou aquáticos sem interface agronômica.

A seleção e a síntese foram organizadas por eixos:

(i) ecologia microbiana de solo e palhada;
(ii) sequenciamento de amplicons e metagenômica shotgun;
(iii) dados composicionais e quantificação;
(iv) inferência funcional e abordagens multiômicas;
(v) detecção de organismos potencialmente fitopatogênicos;
(vi) e validação analítica e implicações agronômicas.

Para cada eixo, foram considerados o tipo de fonte, a matriz estudada, a abordagem analítica, a contribuição principal e as limitações de inferência. As referências fundacionais foram utilizadas para conceitos metodológicos ou ecológicos consolidados; as fontes recentes constituíram o núcleo de atualização temática. Não foram reconstruídas contagens de registros ou de estudos, pois esses números não estão disponíveis nos documentos consultados.

3.2.1. Distinção entre Sequenciamento de Amplicons (Metabarcoding), Metagenômica Shotgun e Metabolômica

Para a caracterização biológica de solo e palhada, é necessário diferenciar o escopo analítico e as limitações inerentes a cada abordagem molecular. A coleta de resíduos de soja mencionada em versões anteriores não integra o método, o corpus bibliográfico, os resultados ou as conclusões deste artigo e, por isso, não é utilizada como base de evidência.

Sequenciamento de Amplicons e *Metabarcoding* (ex.: regiões V3 do gene 16S rRNA para bactérias e arqueias, e regiões ITS para fungos): Esta técnica baseia-se na amplificação por PCR de regiões genéticas hipervariáveis específicas, utilizando primers direcionados tendo como escopo principal a caracterização da composição taxonômica, da diversidade alfa e beta e da estrutura composicional

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

das comunidades microbianas. Os resultados expressam **abundâncias relativas** (proporcionais) na biblioteca sequenciada. Embora existam ferramentas bioinformáticas de predição funcional (como PICRUSt ou Tax4Fun), essas técnicas não sequenciam o genoma completo dos organismos, limitando as inferências metabólicas diretas e exigindo parcimônia na interpretação funcional (DOUGLAS et al., 2020).

Metagenômica *Shotgun*: essa abordagem sequencia fragmentos do DNA total extraído da matriz, sem amplificação direcionada por um marcador específico. Pode fornecer informações taxonômicas e sobre genes presentes na amostra; entretanto, não garante a recuperação integral do repertório genético, nem identificação uniforme em nível de espécie ou linhagem. A resolução depende da profundidade e qualidade do sequenciamento, da cobertura, da complexidade da amostra, da montagem, dos algoritmos e da representatividade das bases de referência (NEW; BRITO, 2020; TREICHEL et al., 2026).

Metabolômica Untargeted (Abordagem Complementar): pode ampliar a caracterização química da matriz por meio da detecção de metabólitos nas condições de coleta e análise. A presença de um metabólito não demonstra, isoladamente, qual organismo o produziu ou consumiu, nem permite estimar diretamente taxas ou fluxos metabólicos. A interpretação requer identificação química, padrões, controles e consideração de possíveis origens bióticas e abióticas (BROWN et al., 2024).

3.3. Tratamento de exemplos numéricos e do limiar heurístico de 2%

Os valores percentuais mencionados no material técnico que motivou parte da discussão, inclusive o valor de 2%, não foram gerados por experimento integrante deste artigo. A documentação disponível aos autores não contém conjunto de dados independente, arquivos brutos, delineamento de validação ou estimativas de desempenho que permitam avaliar o critério. A referência MIQE 2.0 trata de requisitos de relato e qualidade para ensaios de qPCR e não é utilizada para fundamentar a ausência de documentação específica desse material. O valor de

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

2% é descrito apenas para registrar sua origem interna preliminar; não é recomendado para triagem, priorização, diagnóstico ou decisão agronômica.

3.4 Uso de ferramentas digitais e inteligência artificial

Ferramentas digitais e recursos de inteligência artificial são utilizados como apoio à tradução, revisão linguística e organização das referências bibliográficas. O Google Tradutor foi utilizado como recurso auxiliar na tradução de trechos para os idiomas inglês e espanhol, enquanto o Bibcitation foi empregado para auxiliar na organização e formatação das citações e referências bibliográficas. Todo o conteúdo produzido ou processado por essas ferramentas foi revisado e validado pelos autores, que permanecem integralmente responsáveis pela precisão, interpretação, originalidade e integridade das informações apresentadas no manuscrito.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Alcance e limites da interpretação metagenômica

A literatura examinada indica que as abordagens metagenômicas ampliam a caracterização da diversidade e da estrutura das comunidades microbianas do solo e da palhada. Seu valor está em descrever padrões, comparar comunidades dentro de desenhos adequados e gerar hipóteses sobre processos ecológicos. A inferência deve, contudo, permanecer vinculada ao método, à matriz, à qualidade analítica e à resolução taxonômica alcançada.

Um perfil de amplicons não deve ser descrito como inventário completo de genes funcionais. Da mesma forma, resultados shotgun não garantem recuperação integral dos genomas ou resolução uniforme em nível de espécie ou linhagem. A profundidade de sequenciamento, a complexidade da amostra e a qualidade das referências influenciam o que pode ser detectado e anotado (NEW; BRITO, 2020; TREICHEL et al., 2026).

A detecção de DNA também não demonstra atividade. A presença de genes pode indicar potencial funcional, mas a demonstração de expressão requer abordagens baseadas em RNA; a presença de proteínas e metabólitos acrescenta outras

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

camadas de evidência, sem que uma medida isolada prove causalidade ou fluxo metabólico. A interpretação mais robusta resulta da convergência de evidências independentes, selecionadas de acordo com a pergunta científica.

4.2. Exemplo didático de abundância relativa em solo e palhada.

A **Tabela 1** mantém valores numéricos hipotéticos que constavam do material técnico motivador, exclusivamente para demonstrar como exemplos numéricos podem aparecer em uma discussão. Eles não foram obtidos em experimento integrante deste artigo, não correspondem a coleta de campo e não representam laudo laboratorial, estimativa populacional ou padrão de referência.

Os valores não vêm acompanhados de denominador analítico, plataforma, região marcadora, biblioteca de sequenciamento ou procedimento de normalização. A tabela reúne gêneros bacterianos e fúngicos, que em estudos reais podem derivar de bibliotecas distintas, como 16S e ITS. Por essa razão, os números não podem ser interpretados como abundâncias relativas formalmente calculadas, somados entre si ou comparados quantitativamente entre matrizes e grupos. A ausência de denominador é uma limitação explícita do exemplo, e não será suprida por uma definição hipotética não documentada.

Tabela 1. Valores percentuais hipotéticos de grupos microbianos selecionados, sem denominador analítico definido.

Grupo microbiano	Solo (%)	Palhada (%)
Bacillus spp.	4,2	1,8
Pseudomonas spp.	3,1	0,9
Bradyrhizobium spp.	5,8	0,1
Trichoderma spp.	1,9	3,8
Fusarium spp.	1,2	2,9
Rhizoctonia spp.	0,6	2,1
Sclerotinia spp.	0,1	1,4

Fonte: Autores

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Nota*:* Os valores são exclusivamente ilustrativos e pedagógicos. Não constituem resultados experimentais, abundâncias relativas analiticamente definidas, observações de campo validadas ou parâmetros de referência. Como não há denominador, plataforma, marcador ou normalização documentados, não devem ser interpretados como diferenças quantitativas entre solo e palhada, nem utilizados como limiares de triagem diagnóstica.

Como os valores exibidos não possuem denominador analítico definido, não sustentam inferências composicionais ou populacionais entre solo e palhada. A tabela deve ser lida apenas como registro de números hipotéticos selecionados, sem significado quantitativo comparável. Em estudos reais, a interpretação de abundância relativa exige identificar a biblioteca, o marcador, o total de leituras considerado e a estratégia de processamento (GLOOR et al., 2017; BOSHUIZEN; TE BEEST, 2023).

4.3. Interpretação dos grupos potencialmente associados a funções agronômicas

Os gêneros Bacillus, Pseudomonas e Bradyrhizobium permitem discutir a necessidade de dissociar identificação taxonômica molecular de verificação da função agronômica. Uma representação relativa maior em determinada matriz, quando observada em estudo adequadamente delineado, não comprova maior eficiência funcional. A avaliação da fixação biológica de nitrogênio, por exemplo, pode requerer indicadores de nodulação, atividade nodular, nutrição vegetal e resposta agronômica, selecionados conforme a hipótese e o desenho do estudo (HUNGRIA; MENDES, 2015; THILAKARATHNA; RAIZADA, 2017).

De maneira análoga, a detecção de Trichoderma spp. pode justificar investigação de seu papel ecológico na matriz, mas não demonstra, isoladamente, atividade decompositora, supressão de fitopatógenos ou eficácia de controle biológico em campo. A validação funcional depende de ensaios apropriados à hipótese e às condições de uso (WOO et al., 2023).

A interpretação funcional deve ser sustentada por informações genéticas, bioquímicas, fisiológicas ou experimentais compatíveis com a hipótese investigada.

4.4. Interpretação de sinais potencialmente fitossanitários

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

A detecção de sequências relacionadas a gêneros potencialmente fitopatogênicos pode servir como informação inicial para orientar uma investigação, mas não equivale a diagnóstico. A interpretação depende da espécie ou linhagem, da capacidade patogênica, do hospedeiro, da matriz, da presença de sintomas e das condições que favorecem a doença.

Não se deve exigir um conjunto idêntico de testes em todas as situações. A escolha entre qPCR específica, isolamento, identificação morfológica ou molecular, ensaio de patogenicidade e outras ferramentas depende do organismo, da pergunta e da finalidade diagnóstica. A qPCR pode confirmar a presença e estimar a quantidade de um alvo definido quando o ensaio está validado; não comprova, por si só, viabilidade ou causalidade. A cultura pode demonstrar recuperação de organismos cultiváveis, mas também apresenta limitações próprias. A integração deve ser planejada, não tratada como uma lista universal e invariável.

4.5. O critério interno preliminar de 2%: contexto e limites

O valor de 2% é mencionado exclusivamente porque apareceu como critério operacional preliminar em material técnico interno da Bio Soluções que motivou parte desta discussão. Essa informação registra a origem contextual do número, mas não demonstra que ele tenha sido aplicado de modo consistente, validado ou adotado por outros serviços ou laboratórios.

O percentual não foi estabelecido por estudo de desempenho diagnóstico e não dispõe, na documentação examinada, de validação independente, estimativas de sensibilidade, especificidade, valores preditivos ou reprodutibilidade entre plataformas, matrizes e laboratórios. Não deve ser interpretado como limiar regulatório, ponto de corte universal de qualidade biológica ou indicador isolado de risco fitossanitário.

A natureza composicional dos dados impede converter um percentual de leituras em quantidade absoluta de organismos. Além disso, a relevância biológica de um táxon depende de sua identidade, resolução taxonômica, viabilidade, função, hospedeiro e contexto ambiental. Esses fatores reforçam que o valor de 2% não possui base para uso diagnóstico ou operacional neste manuscrito.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

1. Não há dados independentes disponíveis para estimar desempenho diagnóstico, definir curva ROC, sensibilidade, especificidade ou valores preditivos.
2. Não foram apresentados estudos de repetibilidade, reprodutibilidade ou robustez entre plataformas, profundidades de sequenciamento, marcadores e bases de referência.
3. A natureza composicional dos dados de microbioma exige cautela: variações percentuais dependem também das mudanças nos demais componentes da biblioteca (BOSHUIZEN; TE BEEST, 2023).

Não se propõe, neste artigo, qualquer limiar percentual para classificar risco, benefício ou prioridade de investigação.

- A ausência de um táxon em proporção elevada não exclui relevância biológica; a importância depende da identidade do organismo e da hipótese investigada.
- Uma proporção elevada, quando calculada em uma biblioteca válida, tampouco demonstra viabilidade, atividade ou patogenicidade.

Em síntese, o critério de 2% é apresentado apenas como registro histórico de uma referência interna preliminar, sem validação e sem recomendação de adoção. A revisão não demonstra sua utilidade para triagem, priorização exploratória, diagnóstico ou manejo.

4.6. Integração da metagenômica com indicadores físico-químicos e biológicos

A interpretação agronômica do microbioma pode ser fortalecida quando os dados de sequenciamento são examinados em conjunto com parâmetros físico-químicos do solo — como pH, matéria orgânica, CTC, disponibilidade de nutrientes e compactação — e com indicadores bioquímicos, como atividades enzimáticas (BANDICK; DICK, 1999; FIERER, 2017).

Essa abordagem contextual pode ajudar a avaliar explicações alternativas para padrões observados, mas não elimina fatores de confusão nem estabelece

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

causalidade por si só. A interpretação deve considerar o desenho do estudo, a qualidade dos dados e as limitações de cada indicador.

4.7. Estrutura conceitual de interpretação e níveis de evidência

Com base na síntese narrativa, propõe-se uma sequência de seis etapas para organizar o fluxo de interpretação. Essas etapas constituem um roteiro de raciocínio condicionado à pergunta analítica; não representam níveis hierárquicos cumulativos nem exigem a aplicação de todos os métodos em todos os casos.

Etapa 1 — Verificação do método analítico e da qualidade do dado

Identificar se o resultado foi obtido por sequenciamento de marcadores, metagenômica shotgun ou outra abordagem. Conferir a matriz, os procedimentos laboratoriais, as bases de referência e a resolução taxonômica.

Etapa 2 — Avaliação da identificação taxonômica e de sua resolução

Avaliar o nível de identificação alcançado, distinguindo gênero, espécie e linhagem quando possível. Não atribuir funções ou riscos que ultrapassem a resolução do método.

Etapa 3 — Interpretação da quantificação, distinguindo abundância relativa e absoluta

Verificar se os valores são relativos ou absolutos. Considerar a natureza composicional dos dados e evitar interpretar percentuais como densidade populacional.

Etapa 4 — Contextualização biológica e agronômica

Relacionar os achados à cultura, ao histórico de manejo, às condições do solo, à presença de resíduos e aos indicadores de campo.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Etapa 5 — Busca de validação complementar proporcional à hipótese

Quando houver hipótese de risco fitossanitário, utilizar métodos moleculares ou fitopatológicos específicos, conforme o organismo e a pergunta diagnóstica. Quando a hipótese envolver função benéfica, buscar evidências funcionais ou agronômicas compatíveis.

Etapa 6 — Avaliação da decisão técnica à luz das evidências, dos custos, dos riscos e das recomendações aplicáveis

Somente após a integração das evidências deve ser avaliada a necessidade de intervenção, considerando o alvo, a adequação do método de controle, a compatibilidade de produtos e as recomendações de uso e registro aplicáveis.

Essa sequência não constitui protocolo diagnóstico validado. As seis etapas representam um fluxo de trabalho interpretativo; a Tabela 2, por sua vez, apresenta quatro dimensões de evidência usadas para avaliar a força e os limites das inferências. Portanto, etapas e dimensões têm funções distintas e não correspondem a uma contagem única de níveis.

4.8. Implicações para o manejo agrícola

A metagenômica pode apoiar a formulação de hipóteses e o planejamento de monitoramento, mas recomendações de manejo exigem identificação do problema, avaliação do ambiente e evidências sobre a eficácia da intervenção. A presença de um gênero potencialmente benéfico não constitui, por si só, justificativa para aplicação de inoculante; a detecção de um grupo potencialmente fitopatogênico não determina automaticamente a necessidade de controle.

A escolha de agentes biológicos e de estratégias de aplicação deve considerar identidade e qualidade do produto, finalidade de uso, compatibilidade com a cultura e com outros insumos, condições ambientais, instruções de uso e registro aplicável. Combinações de tratamento de sementes, aplicação no sulco e pulverização não são automaticamente superiores a uma estratégia isolada; sua eficácia depende de

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

evidências específicas e da compatibilidade dos componentes (O'CALLAGHAN, 2016).

Quando se pretende atribuir uma mudança microbiológica ou agronômica a determinada prática, são necessários desenhos comparativos adequados, repetição, controle de fatores de confusão e indicadores compatíveis com a hipótese. A metagenômica deve integrar o conjunto de informações disponível ao profissional, sem substituir o diagnóstico agronômico ou fitopatológico.

4.9. Limitações da revisão e perspectivas de pesquisa

Por se tratar de revisão narrativa, este trabalho não pretende identificar exaustivamente todas as publicações disponíveis nem produzir estimativas quantitativas combinadas. A síntese foi organizada por eixos temáticos, considerando tipo de fonte, matriz, abordagem analítica, contribuição e limitações de inferência. Para assegurar a rastreabilidade metodológica, as buscas bibliográficas foram executadas entre 28 de agosto e 11 de novembro de 2026 nas bases de dados Scopus, Web of Science, PubMed/PMC e SciELO, complementadas por repositórios institucionais (Embrapa, FAO, IPEA e CEPEA/ESALQ). As consultas foram direcionadas aos campos de título, resumo e palavras-chave (TITLE-ABS-KEY na Scopus; Tópico/TS na Web of Science; Title/Abstract na PubMed; e Todos os índices na SciELO), adaptando-se os operadores booleanos (AND, OR) e os recursos de truncamento conforme a sintaxe nativa de cada plataforma para descritores em português e inglês relacionados ao microbioma edáfico, técnicas ômicas, bioinsumos e simbiose vegetal. A Tabela 1 contém valores hipotéticos sem denominador analítico definido e, por isso, não deve ser interpretada como conjunto de abundâncias relativas. O critério de 2% é registrado apenas como referência histórica interna, sem validação e sem recomendação de uso. Não são apresentados resultados laboratoriais, dados primários ou análises estatísticas provenientes de coleta de campo.

Pesquisas futuras podem avaliar, em desenhos próprios, a comparabilidade entre matrizes, métodos de quantificação absoluta, desempenho de ensaios

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

direcionados e relações entre indicadores moleculares, bioquímicos, sintomas e respostas das culturas. A validação de qualquer limiar operacional requer dados independentes, definição clara do alvo e da finalidade, avaliação de desempenho e reprodutibilidade.

Estudos futuros podem avançar na padronização da coleta de solo e palhada, na comparação entre estratégias de sequenciamento, na integração com métodos de quantificação absoluta e na validação de indicadores associados a condições agronômicas específicas. Também é necessário desenvolver estudos que relacionem a composição microbiana a indicadores funcionais, sintomas, ocorrência de doenças e respostas das culturas, evitando inferências baseadas exclusivamente em percentuais de abundância relativa.

Tabela 2. Critérios de organização da evidência e níveis de interpretação metagenômica

Nível de Evidência	Pergunta Analítica Central	Limite Metodológico e da Inferência
1. Potencial Funcional	Foram identificados genes, vias metabólicas ou marcadores associados à função ou ao processo ecológico hipotetizado?	A presença de repertório gênico indica POTENCIAL GENÉTICO, mas não comprova sua expressão gênica, tradução proteica ou atividade bioquímica efetiva.
2. Validação Biológica	Existem evidências complementares independentes (moleculares por qPCR, bioquímicas, fisiológicas ou fitopatológicas)?	A confirmação de hipóteses fitossanitárias ou agronômicas exige validação específica por métodos direcionados e complementares.
3. Relevância Agronômica	A evidência molecular conecta-se diretamente à cultura, ao histórico de manejo, ao ambiente e a uma resposta agronômica mensurável?	A correlação estatística ou a associação ecológica NÃO DEMONSTRAM CAUSALIDADE isolada nem comprovam eficácia de intervenção de campo.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

4.	**Tomada de Decisão Técnica**	A integração multiômica e contextualizada justifica o monitoramento direcionado ou a adoção de intervenção agronômica?	A decisão técnica final deve ponderar a eficácia do insumo, custos, riscos ambientais, regulamentação de bioinsumos e recomendações oficiais.

Fonte: autores.

Nota: A tabela organiza quatro dimensões de evidência e não constitui protocolo diagnóstico validado. Ela complementa o roteiro de seis etapas descrito na seção 4.7; as etapas organizam o fluxo de interpretação, enquanto as dimensões explicitam o alcance e os limites da evidência.

5. CONCLUSÃO

A metagenômica aplicada ao solo e à palhada constitui ferramenta relevante para caracterizar comunidades microbianas e investigar o potencial genético associado aos sistemas agrícolas. Sua contribuição principal está na descrição da diversidade, na comparação de comunidades dentro de desenhos adequados e na formulação de hipóteses sobre processos ecológicos.

A interpretação exige distinguir detecção de sequências, identificação taxonômica, abundância relativa, quantificação absoluta, viabilidade, expressão gênica, atividade metabólica e patogenicidade. A identificação de grupos potencialmente benéficos ou fitopatogênicos não comprova, isoladamente, função, doença ou impacto agronômico.

A qPCR e outras abordagens complementares podem fortalecer a investigação quando selecionadas e validadas de acordo com o alvo e a matriz, mas seus resultados também possuem limites de inferência. A integração com indicadores físico-químicos, bioquímicos e fitopatológicos deve respeitar a natureza de cada medida.

O critério interno de 2% é mencionado apenas como referência histórica preliminar, sem validade diagnóstica demonstrada e sem recomendação de adoção. Os valores da Tabela 1 são hipotéticos e não possuem denominador analítico definido. Não são incorporados resultados experimentais de coleta de resíduos de soja. Conclui-se que a metagenômica deve ser utilizada como ferramenta de

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

caracterização e geração de hipóteses, com transparência metodológica e validação proporcional à decisão pretendida.

6. DECLARAÇÕES COMPLEMENTARES

Natureza do artigo: revisão narrativa técnico-científica.

Origem dos dados numéricos: os valores da Tabela 1 são hipotéticos e foram preservados exclusivamente para fins didáticos; não representam resultados experimentais ou laboratoriais.

Coleta de resíduos de soja em 2026: mencionada exclusivamente para contextualização; não integra a metodologia, os resultados ou as conclusões como fonte de dados.

Conflito de interesses: Os autores declaram que não possuem conflitos de interesse de ordem financeira, comercial, institucional ou pessoal que possam ter influenciado o desenvolvimento ou os resultados apresentados neste manuscrito.

Financiamento: Esta pesquisa não recebeu auxílio financeiro externo.

Contribuição dos autores: Adilson de Oliveira: Conceituação, Metodologia, Investigação, Redação – rascunho original e Administração do projeto. Erich dos Reis Duarte: Conceituação, Supervisão, Validação e Redação – revisão e edição. Aline Vanessa Sauer: Validação, Investigação e Redação – revisão e edição. Camila Ferreira Miyashiro: Metodologia, Validação e Redação – revisão e edição. Bruno Rafael Vasconcelos: Investigação, Curadoria de dados e Redação – revisão e edição. Marcelo José Ragazzi: Investigação e Curadoria de dados. Pamela Mayara Aparecida Pinheiro: Curadoria de dados e Visualização. Todos os autores aprovaram a versão final submetida.

7. REFERÊNCIAS

ABELLAN-SCHNEYDER, Isabel; MATCHADO, Monica S.; REITMEIER, Sandra; SOMMER, Alina; SEWALD, Zeno; BAUMBACH, Jan; LIST, Markus; NEUHAUS, Klaus. Primer, pipelines, parameters: issues in 16S rRNA gene sequencing. Sociedade Americana de Microbiologia, mSphere.asm.org, v. 6, n. 1, e01202-20, 2021. DOI: https://doi.org/10.1128/mSphere.01202-20

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

AIZPURUA, Ostaizka; DUNN, Robert R.; HANSEN, Lars H.; et al. Field and laboratory guidelines for reliable bioinformatic and statistical analysis of bacterial shotgun metagenomic data. Critical Reviews in Biotechnology, v. 44, n. 6, p. 1164–1182, 2023. DOI: https://doi.org/10.1080/07388551.2023.2254933.

ALTEIO, Lauren V.; SÉNECA, Joana; CANARINI, Alberto; ANGEL, Roey; JANSA, Jan; GUSEVA, Ksenia; KAISER, Christina; RICHTER, Andreas; SCHMIDT, Hannes; A critical perspective on interpreting amplicon sequencing data in soil ecological research, Soil Biology and Biochemistry, v. 160**,** art. 108357, p. 1-13, journal homepage: www.elsevier.com/locate/soilbio, 1 set. 2021, DOI: https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108357.

ARIKAN, Muzaffer; MUTH, Thilo. Integrated multi-omics analyses of microbial communities: a review of the current state and future directions. Molecular Omics, v. 19, n. 8, p. 607–623, 2023. DOI: https://doi.org/10.1039/D3MO00089C

BACKER, Rachel; ROKEM, J. Stefan; ILANGUMARAN, Gayathri; LAMONT, John; et al. Plant growth-promoting rhizobacteria: context, mechanisms, action, and commercialization. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1473, 2018. Disponível em: https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01473.

BAETHGE, Christopher; GOLDBECK-WOOD, Sandra; MERTENS, Sthephan. SANRA—a scale for the quality assessment of narrative review articles. Research Integrity and Peer Review, v. 4, n. 1, art. 5, p. 1–7, 2019. Disponível em: https://doi.org/10.1186/s41073-019-0064-8.

BANDICK, Anna K.; DICK, Richard P. Efeitos do manejo de campos nas atividades enzimáticas do solo. Biologia do Solo e Bioquímica, v. 31, n. 11, p. 1471–1479, 1999. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/s0038-0717(99)00051-6>

BLAKE, Christopher; CHRISTENSEN, Mathilde Nordgaard; KOVÁCS, Ákos T. Aspectos Moleculares da Promoção e Proteção do Crescimento Vegetal por Bacillus subtilis. Interações® Moleculares Planta-Microbio ,v.34, n. 1, p. 15–25, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1094/mpmi-08-20-0225-cr>.

BOSHUIZEN, Hendriek C., & TE BEEST, Dennis E. *Armadilhas na análise estatística dos dados de sequenciamento de amplicons do microbioma*. *Recursos de Ecologia Molecular*, v. 23, n. 3, p. 539–548, 2022, Wiley, Online Library, https://doi.org/10.1111/1755-0998.13730

BROWN, Robert W.; REAY, Michaela K.; CENTLER, Florian; e outros. Metabolômica do solo - desafios atuais e perspectivas futuras. Biologia e Bioquímica do Solo, v. 193, artigo 109382, 2024. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2024.109382

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

BUSTIN, Stephen A; RUIJTER, Jan M; VAN DEN HOFF, Maurice J B; e outros. MIQE 2.0: Revisão das Informações Mínimas para Publicação de Diretrizes de Experimentos Quantitativos de PCR em Tempo Real. Clinical Chemistry, v. 71, n. 6, p. 634–651, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/clinchem/hvaf043>.

CAMACHO-SÁNCHEZ, M. A new spike-in-based method for quantitative metabarcoding of soil fungi and bacteria. International Microbiology, v. 27, n. 3, p. 719–730, 2024. DOI: https://doi.org/10.1007/s10123-023-00422-5

CAMPOS, B. C.; HUNGRIA, M.; TEDESCO, V. Eficiência da fixação biológica de N2 por estirpes de Bradyrhizobium na soja em plantio direto. Revista Brasileira de Ciência do Solo, p. 583–592, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/s0100-06832001000300007>.

CARINI, Paul; MARSDEN, Patrick J.; LEFF, Jonathan W.; e outros. O DNA relíquia é abundante no solo e obscurece as estimativas da diversidade microbiana do solo. Biologia da Natureza, n.: 16242, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.242>

CARR, Alex; DIENER, Christian; BALIGA, Nitin S; e outros. Uso e abuso de análises de correlação em ecologia microbiana. The ISME Journal, p. 2647–2655, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0459-z>.

CHAVES, Bruno; REDIN, Marciel; GIACOMINI, Sandro José; e outros. The combination of residue quality, residue placement and soil mineral N content drives C and N dynamics by modifying N availability to microbial decomposers. Biologia e Bioquímica do Solo, p. 108434, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108434>.

DA SILVA, Vitor Luciano C.; DE ALVARENGA, Bárbara Caroline Niza Silva; DINI-ANDREOTE, Francisco; et al., Translating soil microbiome knowledge into agricultural decisions. Nature Microbiology, v. 11, n. 11, p. 2929-2931, 2026. DOI: https://doi.org/10.1038/s41564-026-02495-0

DELGADO-BAQUERIZO, Manuel; REICH, Peter B.; TRIVEDI, Chanda; e outros. Múltiplos elementos da biodiversidade do solo impulsionam as funções dos ecossistemas entre os biomas. Ecologia da Natureza & Evolução, v. 4, n. 2, p. 210–220, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41559-019-1084-y>.

DJEMIEL, Christophe; DEQUIEDT, Samuel; KARIMI, Batlhe; e outros. *Potential of Meta-Omics to Provide Modern Microbial Indicators for Monitoring Soil Quality and Securing Food Production*. Fronteiras em Microbiologia, v.13, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.889788>.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

DOUGLAS, Gavin M.; MAFFEI, Vincent J.; ZANEVELD, Jesse R.; e outros. PICRUSt2 para previsão das funções do metagenoma. Nature Biotechnology, p. 685–688, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0548-6>.

FIERER, Noah. Abraçando o desconhecido: desvendando as complexidades do microbioma do solo. Nature Reviews Microbiology, v. 15, p. 579–590, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.87>.

GEYDIRICI, Itır; MARTÍNEZ-CUESTA, Rubén; BIBINGER, Sebastian; e outros. Aprofundando a metagenômica do solo: Oportunidades e limitações para estudar o potencial genômico de bactérias e arqueias do solo. Biologia e Fertilidade dos Solos, p. 641–648, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00374-026-02004-9>.

GIL-MARTÍNEZ, Marta; LÓPEZ-GARCÍA, Álvaro; DOMÍNGUEZ, María T.; e outros. A diversidade e funcionalidade fúngica do solo são impulsionadas pelas espécies de plantas utilizadas em fitorremediação. Biologia e Bioquímica do Solo, v. 153, p. 108102, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108102>

GLOOR, Gregory B.; MACKLAIM, Jean M.; PAWLOWSKY-GLAHN, Vera; e outros Microbiome Datasets Are Compositional: And This Is Not Optional. Frontiers in Microbiology, v. 8, art. 2224, 2017. DOI: https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02224.

HUNGRIA, Mariangela; MENDES, Iêda Carvalho. Fixação de Nitrogênio com Soja: A Simbiose Perfeita? Fixação Biológica de Nitrogênio, p. 1009–1024, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/9781119053095.ch99>.

JANSSON, Janet K.; HOFMOCKEL, Kirsten S. Microbiomas do solo e mudanças climáticas. Nature Reviews Microbiology, v. 18, n. 1, p. 35–46, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0265-7>.

KAUSERUD, Håvard. Alquimia ITS: Sobre o uso de ITS como marcador de DNA na ecologia fúngica. Ecologia Fúngica, p. 101274, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2023.101274>.

KERDRAON, Lydie; LAVAL, Valérie; SOFRA, Frédéric. Microbiomas e sobrevivência de patógenos em resíduos de culturas, um ecotono entre planta e solo. Phytobiomes Journal, v. 3, n. 3, p. 246–255, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1094/pbiomes-02-19-0010-rvw>.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

KNIGHT, Rob; VRBANAC, Alison; TAYLOR, Bryn C.; e outros. Melhores práticas para análise de microbiomas. Nature Reviews Microbiology, p. 410–422, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0029-9>.

KÖHL, Kevin D; MINEO, Patrick M; FONTAINE, Samantha S. Mudanças na comunidade microbiana intestinal do tritão oriental (Notophthalmus viridescens) ao longo de seus três estágios de vida distintos. FEMS Ecologia em Microbiologia, 2021. Disponível em: https://doi.org/10.1093/femsec/fiab021

KUMAR, Umesh; RAJ, Subhisha; SREENIKETHANAM, Arathi; e outros. Abordagens multi-ômicas nas interações planta-micróbio têm enorme potencial para a agricultura sustentável. Agronomia, p. 1804, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy13071804>.

LIN, Jonathan Y; GONTIJO, Júlia Brandão; MCMILLAN, Cameron K; e outros. A integração resolvida multi-ômica revela separação microbiana de nichos nos agregados do solo. ISME Communications, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/ismeco/ycag161>.

LIU, Ruina; GU, Yuexi; SHEN, Mingwang; e outros. Previsão do intervalo postmortem com base em sequências de comunidades microbianas e algoritmos de aprendizado de máquina. Microbiologia Ambiental, p. 2273–2291, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15000>.

LIU, Shaopeng; RODRIGUEZ, Judith S.; MUNTEANU, Viorel; e outros. Análise de dados metagenômicos. Nature Reviews Methods Primers, v. 5, artigo 5, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s43586-024-00376-6>.

MA, Qingxu; PAN, Wankun; TANG, Sheng; e outros. Milho e soja enfrentam uma forte competição de microrganismos do solo pela captação de nitrogênio orgânico e inorgânico e enxofre: um teste em vaso usando rotulagem 13C, 15N, 14C e 35S. Biologia e Bioquímica do Solo, p. 108260, 2021. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108260

NEW, Felicia N.; BRITO, Ilana L. O que a metagenômica está nos ensinando e o que é esquecido? Revisão Anual da Microbiologia, p. 117–135, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-012520-072314>.

O'CALLAGHAN, Maureen. Inoculação microbiana de sementes para melhorar o desempenho das culturas: questões e oportunidades. Microbiologia Aplicada e Biotecnologia, p. 5729–5746, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00253-016-7590-9>.

O'DONNELL, Kerry; WHITAKER, Briana K.; LARABA, Imane; e outros. Identificação Baseada em Sequência de DNA Fusarium: Um Trabalho em

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

Progresso. Doença das plantas, p. 1597–1609, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1094/pdis-09-21-2035-sr>.

PAGE, Matthew J; MCKENZIE, Joanne E; BOSSUYT, Patrick M; e outros. A declaração PRISMA 2020: uma diretriz atualizada para reportar revisões sistemáticas. BMJ, p. n71, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>.

PROSSER, James I. Putting science back into microbial ecology: a question of approach. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, p. 20190240, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0240>.

QUINN, Thomas P; ERB, Ionas; GLOOR, Greg; e outros. Um guia de campo para a análise composicional de dados de qualquer ômica. GigaScience, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/gigascience/giz107>.

SOUZA, Rodolfo; HARTZELL, Samantha; FREIRE FERRAZ, André Pereira; e outros. Dinâmica da resistência à penetração do solo em ambientes controlados por água. Pesquisa sobre Solos e Cultivo, p. 104768, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.still.2020.104768>.

SU, Ronglin; WU, Xian; HU, Jinli; e outros. O aquecimento promove a decomposição da matéria orgânica oligotrófica causada por bactérias no solo do arroz. Biologia e Bioquímica do Solo, p. 109156, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2023.109156>.

TEDERSOO, Leho; BAHRAM, Mohammad; ZINGER, Lucie; e outros. Melhores práticas em metabarcoding de fungos: Do desenho experimental aos resultados. Ecologia Molecular, p. 2769–2795, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/mec.16460>.

THILAKARATHNA, Malinda S.; RAIZADA, Manish N. Uma meta-análise da eficácia de inoculantes diversos de rizóbios em características da soja sob condições de campo. Biologia e Bioquímica do Solo, v. 105, p. 177–196, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.11.022>.

TREICHEL, Nicole S.; PAUVERT, Charlie; SÉNECA, Joana; e outros. *Benchmarking of shotgun sequencing depth reveals the potential and limitations of shallow metagenomics and strain-level analysis*. Nature Microbiology, v. 11, n. 5, p. 1233–1244, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41564-026-02334-2>.

VANDEPUTTE, Doris; KATHAGEN, Gunter; D'HOE, Kevin; e outros. O perfil quantitativo do microbioma relaciona a variação da comunidade intestinal à carga microbiana. Nature, n. 551, p. 507–511, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nature24460>.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 11/11/2026 - **Accepted:** 20/11/2026
Vol: 13.24
DOI: 10.66104/4pxs5f15
Pages: 1-36

WANG, Chunxiao; YANG, Yu; XU, Xiaoqing; e outros. A busca pela microbiologia analítica ambiental: microbioma quantitativo absoluto usando padrões internos celulares. Microbioma, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s40168-024-02009-2>.

WANG, Xiaofan; HOWE, Samantha; DENG, Feilong; e outros. Aplicações atuais da quantificação absoluta de bactérias em estudos de microbioma e tomada de decisão sobre diferentes questões biológicas. Microrganismos, v. 9, n. 9, artigo 1797, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091797>.

WARING, Bonnie; NOSSA, Anna; LIANG, Guopeng; e outros. Uma análise quantitativa das relações estrutura-função das comunidades microbianas na decomposição da serapilheira vegetal. iScience, p. 104523, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104523>.

WOO, Sheridan L.; HERMOSA, Rosa; LORITO, Matteo; e outros. Trichoderma: um microrganismo multipropósito benéfico para plantas e para agricultura eco-sustentável. Nature Reviews Microbiology, v. 21, p. 312–326, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41579-022-00819-5>.

WULFERT, Sabine; SCHILASKY, Sören ; KRUEGER, Stephan. Transcriptional and Biochemical Characterization of Cytosolic Pyruvate Kinases in Arabidopsis thaliana. Plants, p. 353, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants9030353>.