

Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”
Centro de Energia Nuclear na Agricultura

**Diversidade das comunidades bacterianas em solos de terra preta
antropogênica da Amazônia Central e Oriental**

Fabiana de Souza Cannavan

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ecologia Aplicada

Piracicaba
2007

Fabiana de Souza Cannavan
Bióloga

**Diversidade das comunidades bacterianas em solos de terra preta
antropogênica da Amazônia Central e Oriental**

Orientadora:
Profa. Dra. **SIU MUI TSAI**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre
em Ecologia Aplicada

Piracicaba
2007

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Cannavan, Fabiana de Souza

Diversidade das comunidades bacterianas em solos de Terra Preta Antropogênica da Amazônia Central e Oriental / Fabiana de Souza Cannavan. - - Piracicaba, 2007.
115 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2007.
Bibliografia.

1. Ecologia microbiana 2. Microbiologia do solo 3. RNA 4. Sequenciamento genético
Solos I. Título

CDD 631.46

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

DEDICATÓRIA

A **Deus**, pela minha existência, porque nada nos é possível se não for de sua vontade.

Dedico esta minha conquista, aos meus amados pais **Luis e Clarice Cannavan** por estarem presentes na minha vida, me apoiando em todas as minhas decisões, e acima de tudo, pelo imenso amor... exemplo de simplicidade, humildade, de fé e perseverança.

As minhas irmãs **Cristina e Graziela**, por serem as melhores irmãs do mundo... e por me concederem as criaturas mais importantes, minhas sobrinhas **Leticia e Mariane**, alegrias da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar a Deus, por me dar as forças necessárias, a fé e perseverança para a realização deste trabalho. E por me dar uma família maravilhosa.

Aos meus pais, minhas irmãs e sobrinhas, obrigada pelo carinho, conselhos e pela força que tornam meus dias cada vez mais especiais.

À minha orientadora Siu Mui Tsai, pelos importantes ensinamentos tanto científicos quanto pessoais desde minha Iniciação Científica. Agradeço pela amizade, o conforto nas horas difíceis, estímulo constante e fonte de conhecimentos durante todo o trabalho. Obrigada por ser minha “mãe científica”!

Ao Programa BECA - IEB/Fundação Moore (Brasília - DF), pelo suporte financeiro concedido para a realização do curso.

Às Profas. Dra. Dirse Clara Kern e Dra. Aline Aparecida Pizzirani-Kleiner, pelas contribuições indispensáveis.

Às minhas amigas “irmãs” Denise e Lidiane, presentes em minha vida tanto nos momentos de divertimentos inesquecíveis quanto nos mais difíceis, me apoiando, incentivando e que ao meu lado fizeram a diferença. Muito obrigada!!!!

Aos técnicos do Laboratório de Microbiologia e Biologia Molecular, José Elias Gomes, Fábio Rodrigo Sanches Duarte, Wagner Picinini e Francisco Montrazi, pela ajuda prestada, ensinamentos, pela amizade e carinho.

Ao Daniel Saito pela ajuda nas análises computacionais.

Aos amigos e colegas do Laboratório de Microbiologia e Biologia Molecular: Acácio, Daniela, Edi, Estela, Ezio, Lucas, Ludmila, Marina, Mariana, Mateus, Othon pela convivência agradável e amizade.

Ao amigo Raphael Medau, companheiro de coleta, de trabalho e de amizade.

Às “Lulus”, Adriane Nunes, Camila Patreze, Caroline Pamplona, Jeanedy Pazinato, Juliana Martinati, Luciana Fedatto, Luciana Ferreira e Karla Nishiyama, que fizeram de nossas reuniões pura diversão e atas memoráveis! Obrigada amigas pelos desabafos.

Às minhas amigas Ana Paula, Camila, Érica, Giana, Graziela, Marcinha, Mariane, Thaís e Sabrina pelos bons momentos de alegria que compartilhamos.

A companheira de laboratório Bianca Furlan.

Aos meus amigos Gustavo e Paul pelo privilégio de suas amizades e convívio.

Aos meus cunhados Rogério e Fernando.

A secretaria da pós-graduação Regina Celis Telles de Freitas.

A Gilma D'Aquino e José Maxiamiano do Museu Paraense Emilio Goeldi e ao Flavio Vieira Vaz (Pão) e todas as pessoas residentes da Floresta Nacional de Caxiuanã, pela colaboração fundamental nas coletas realizadas em Caxiuanã – PA.

A Jean Peixoto pela colaboração nas coletas realizadas em Presidente Figueiredo – AM

A todos meus tios, tias, primos e primas que me incentivaram.

Enfim, a todos que, mesmo não citados aqui, sabem que de forma direta ou indireta, colaboraram na execução deste trabalho. MUITO OBRIGADA!

“O valor das coisas não está no tempo em que elas duram, mas na intensidade com que acontecem. Por isso existem momentos inesquecíveis, coisas inexplicáveis e pessoas incomparáveis”

Fernando Pessoa

SUMÁRIO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	9
LISTA DE FIGURAS.....	10
LISTA DE TABELAS.....	12
LISTA ABREVIATURAS.....	13
1 INTRODUÇÃO.....	14
2 DESENVOLVIMENTO.....	16
2.1 Revisão bibliográfica.....	16
2.1.1 Terra Preta Antropogênica.....	16
2.1.2 Diversidade microbiana do Solo.....	19
2.1.3 Diversidade bacteriana em solos TPAs da Amazônia.....	22
2.1.4 Importância das técnicas moleculares em estudos de diversidade.....	23
2.1.5 Gene 16S rRNA e Análise das seqüências 16S rRNA.....	25
2.2 Material e Métodos.....	30
2.2.1 Área de estudo.....	31
2.2.2 Amostragem.....	33
2.2.3 Caracterização química do solo.....	35
2.2.4 Extração DNA genômico total do solo.....	36
2.2.5 Amplificação do gene 16S rRNA.....	37
2.2.6 Purificação do produto da PCR.....	37
2.2.7 Clonagem do produto da PCR.....	38
2.2.8 Preparo de células competentes de <i>E.colli</i>	38
2.2.9 Transformação de <i>E.coli</i>	39
2.2.10 Seleção e estoque dos clones.....	39
2.2.11 Extração e quantificação do DNA plasmidial.....	40
2.2.12 PCR de inserto.....	41
2.2.13 PCR de sequenciamento e precipitação.....	42
2.2.14 Análise das seqüências.....	43
2.3 Resultados e Discussão.....	44

2.3.1 Coleta e caracterização dos solos.....	44
2.3.2 Extração de DNA genômico total do solo.....	44
2.3.3 Amplificação e purificação do gene 16S rRNA.....	45
2.3.4 Construção da Biblioteca 16S rRNA.....	47
2.3.5 Sequenciamento parcial dos clones e análise das seqüências.....	49
2.3.6 Análise de diversidade das comunidades bacteriana.....	51
2.3.7 Estimativa de riqueza e índice de diversidade.....	60
3 CONCLUSÕES.....	64
REFERÊNCIAS.....	66
ANEXOS.....	74

RESUMO

Diversidade das comunidades bacterianas em solos de Terra Preta Antropogênica da Amazônia Central e Oriental

Terra Preta Antropogênica (TPA) é um dos tipos de solos mais “férteis” do mundo. A TPA recebe esta denominação por ser encontrada em sítios arqueológicos onde viveram grupos pré-históricos. São pequenas faixas de solos que apresentam altas concentrações de nutrientes, matéria orgânica e encontram-se distribuídas aleatoriamente pela região Amazônica. A verdadeira origem destes solos ainda não está bem esclarecida. Devido à falta de informações sobre sua diversidade bacteriana, este trabalho estudou a diversidade bacteriana em amostras de solos TPA coletadas em duas regiões: Lagoa Balbina – sítio Terra Preta (Amazônia Central-Amazonas) e Floresta Nacional de Caxiuanã – sítio arqueológico Mina I (Amazônia Oriental - Pará), através de técnicas moleculares independentes de cultivo. O DNA genômico total das amostras de solo foi extraído e usado como molde em uma reação de PCR utilizando oligonucleotídeos específicos do gene 16S rRNA para o Domínio Bactéria. O produto de PCR amplificado foi clonado no vetor pGEM-T e 980 clones foram selecionados e comparados com o banco de dados de 16S rRNA do RDP II e GenBank (NCBI-EUA). Os resultados apresentaram predominância com microrganismos não-conhecidos representando 41,6 % das seqüências de solo TPA- Balbina, 68,3 % das seqüências de ADJ-Balbina, 84,8% das seqüências de solo TPA-Mina e 47,7 % das seqüências de ADJ-Mina. O filo mais predominante nas amostras TPA-Balbina foi *Firmicutes*, representando 37,1% do total de seqüências analisadas. Os filios em destaque foram *Proteobacteria* (9,6%), seguidos de *Verrucomicrobia* (5,6%), *Acidobacteria* (2,5%), *Gemmatimonadetes* (2,5%), *Actinobacteria* (0,5%) e *Nitrospira* (0,5%). Por outro lado, em ADJ-Balbina destacaram-se os filios *Proteobacteria* 15,1%, *Acidobacteria* (12,5%), *Firmicutes* (2,3%), *Nitrospira* (1,1%) e *Verrucomicrobia* (0,8%). Em TPA-Mina, os filios apresentados foram *Proteobacteria* (6,5%), *Acidobacteria* (4,7%), *Firmicutes* (1,4%), *Nitrospira* (1,1%), *Planctomycetes* (1,1%) e *Verrucomicrobia* (0,4%). Contudo, na biblioteca ADJ-Mina verificou a presença dos filios *Acidobacteria* (27,2%), *Proteobacteria* (14,2%), *Firmicutes* (3,8%), *Verrucomicrobia* (3,8%), *Nitrospira* (1,3%), *Planctomycetes* (1,3%), *Actinobacteria* (0,4%) e *Gemmatimonadetes* (0,4%). O pH do solo pode ser um dos atributos do solo que pode ter influência direta na diversidade bacteriana dos solos estudados, assim como pode ter efeito uma floresta natural sobre as populações microbianas em seu solo, fato observado na adjacência do solo Terra Preta em Caxiuanã – PA. A estimativa da riqueza de UTOs pelo *Bootstrap* corroborou diretamente os valores de diversidade obtidos pelos índices de *Simpson* e *Shannon*. De um modo geral, uma maior probabilidade de ocorrência de UTOs únicas empregadas pelo estimador *Jackknife* se correlacionou com uma maior percentagem de baixas frequências de filotipos nas quatro bibliotecas. Os métodos não-paramétricos *ACE* e *Chao1* para a estimativa da riqueza de UTOs também corroboraram com os valores obtidos com o estimador *Jackknife*.

Palavras-chave: Terra Preta; 16S rRNA; Sequenciamento; Diversidade bacteriana; Índices de diversidade

ABSTRACT

Diversity of the bacterial communities in Anthropogenic Black Earth from the Central and Oriental Amazon

Anthropogenic Dark Earth (ADE) is one of the most fertile soils in the world. ADE soils have received this nomination due to the pre-historical origin of these archaeological sites, established by pre-colombian populations. ADEs are small areas of soil which present high nutrient and organic matter contents and are randomly distributed throughout the Amazonian region. The true origin of these soils is not known yet. Due to the lack of information concerning the bacterial diversity, this work studied the bacterial diversity in ADE soils collected from two regions: Lagoa Balbina – site Terra Preta (Central Amazonia-Amazonas state) and National Forest of Caxiuanã – archaeological site Mina I (Oriental Amazonia – Pará state), using culture-independent molecular techniques. The total genomic DNAs extracted from the soil samples were used as templates in the PCR reactions using the universal primers for the 16S rRNA bacterial gene. The PCR-products were cloned into the pGEM-T vector and 980 clones were selected and searched using the GenBank (NCBI-USA) and the RDP II program. Data analyses indicated predominance of unknown microorganisms, representing 41.6 % among the sequences from ADE-Balbina, 68.3 % from Adjacent-Balbina, 84.8% from ADE-Mina and 47.7 % from Adjacent-Mina. The predominant phylum in ADE-Balbina was *Firmicutes*, representing 37.1% of the total sequences from that site, followed by *Proteobacteria* (9.6%), *Verrucomicrobia* (5.6%) *Acidobacteria* (2,5%), *Gemmatimonadetes* (2,5%), *Actinobacteria* (0,5%) and *Nitrospira* (0.5%). On the other hand, in the adjacent soil ADJ-Balbina, the predominant phylla were *Proteobacteria* (15.1%), *Acidobacteria* (12.5%), *Firmicutes* (2.3%), *Nitrospira* (1.1%) and *Verrucomicrobia* (0.8%). In the Oriental Amazon, the prevalent phylla from the ADE-Mina soil were *Proteobacteria* (6.5%), *Acidobacteria* (4.7%), *Firmicutes* (1.4%), *Nitrospira* (1.1%), *Planctomycetes* (1.1%) and *Verrucomicrobia* (0.4%). In the ADJ-Mina verificou a presença dos filos *Acidobacteria* 27.2%, *Proteobacteria* 14.2%, *Firmicutes* 3.8%, *Verrucomicrobia* 3.8%, *Nitrospira* 1.3%, *Planctomycetes* 1.3%, *Actinobacteria* 0.4% e *Gemmatimonadetes* 0.4%. The soil pH may be of the soil attributes which may have directly influenced the bacterial diversity in those soils, as well as the above-ground vegetation from the natural forest in Caxiuanã-Pará. The estimates of the Operational Taxonomic Units (OTUs) richness using *Bootstrap* directly corroborated the diversity values obtained from the *Simpson* and *Shannon* indexes. Unique UTOs using *Jackknife* estimator were correlated with a higher percentage of the low frequencies of phylla in all the four clone libraries. The non-parametric *ACE* and *Chao1* methods to estimate the OTUs richness also corroborated the *Jackknife* values.

Key-words: Black Earth; 16S rRNA; Sequencing; Bacterial Diversity; Diversity Index.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 –	(a) Perfil de solo contendo TPA (coloração escura) sobre camada de latossolo (coloração clara); (b) Fragmentos de cerâmica e artefatos indígenas na TPA.....	16
Figura 2 –	Localização da área mais elevada onde se encontra a Terra Preta Antropogênica (TPA), localizada na Floresta Nacional de Caxiuanã – sítio Mina I.	18
Figura 3 –	Organização do operon do rRNA ribossômico.	26
Figura 4 –	Esquema representativo das principais etapas realizadas no trabalho.....	30
Figura 5 –	Localização do município de Presidente Figueiredo-AM.....	32
Figura 6 –	Localização da Floresta Nacional de Caxiuanã.....	32
Figura 7 –	A vegetação é sempre exuberante onde existe Terra Preta. À direita, Jean Peixoto (UFAM-AM) prepara a trincheira para a coleta de amostras de solo TPA ao longo do perfil, após a limpeza do terreno. Sítio localizado na Lagoa Balbina – Sítio Terra Preta, Hidroelétrica de Balbina, AM.....	33
Figura 8 –	(a) Coleta realizada no Sítio Mina I - MITPA. (b) Coleta realizada no Sítio Mina I – MIADJ. Este sítio está localizado no Parque Nacional de Caxiuanã – Pará.	34
Figura 9 –	(a) – Resultado da amplificação do gene 16S rRNA. Perfil eletroforético em gel de Agarose 1% contendo Brometo de etídeo. 1 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 2 – Padrão de concentração 200 ng; 3 – BITPA; 4 – BIADJ; 5 – MITPA; 6 – MIADJ e 7 – amostra controle negativo. (b) – Resultado da purificação do gene 16S rRNA. Perfil eletroforético em gel de Agarose 1% contendo Brometo de etídeo. 1 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 2 – Padrão de concentração 200 ng; 3 – BITPA; 4 – BIADJ; 5 – MITPA; 6 – MIADJ e 7 – amostra controle negativo.	46

Figura 10 –	Reação de PCR para confirmação da inserção dos fragmentos no vetor de clonagem. 1 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 2 a 7 – Clones aleatórios da biblioteca BITPA; 8 a 13 – Clones aleatórios da biblioteca BIADJ; 14 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 15 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 16 a 21 – Clones aleatórios da biblioteca MITPA; 22 a 26 clones aleatórios da biblioteca MIADJ; 27 – Amostra controle negativo e 28 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen).	48
Figura 11 –	Diversidade bacteriana encontrada nos solos TPA e adjacentes (Lagoa Balbina) nos clones 16S rRNA com base na afiliação filogenética do RDP II pelo programa <i>Library Compare</i> . A – Solo Terra Preta Antropogênica – região da Amazônia Central, Lagoa da Balbina; B – Solo adjacente – região da Amazônia Central, Lagoa da Balbina.....	54
Figura 12 –	Diversidade bacteriana encontrada nos solos TPA e adjacentes (Caxiuana – Mina I) nos clones 16S rRNA com base na afiliação filogenética do RDP II pelo programa <i>Library Compare</i> . A – Solo Terra Preta Antropogênica – região da Amazônia Oriental, Floresta Nacional de Caxiuanã, Sítio Mina I; B – Solo adjacente – região da Amazônia Oriental, Floresta Nacional de Caxiuanã, Sítio Mina I.....	55
Figura 13 –	Curva de rarefação gerada do gene 16S rRNA das bibliotecas de clones de solo Terra Preta Antropogênica e solo Adjacente da Lagoa Balbina (Amazonas).....	61
Figura 14 –	Curva de rarefação gerada do gene 16S rRNA das bibliotecas de clones de solo Terra Preta Antropogênica e solo Adjacente da Floresta Nacional de Caxiuanã (Pará).....	61

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 –	Caracterização química das amostras de solo (Análises realizadas na ESALQ/USP e no Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Solos e Recursos Ambientais do IAC – Campinas, SP).....	35
Tabela 2 –	Números totais de clones seqüenciados, válidos e UTOs (Unidades Taxonômicas Operacionais) para análise comparativa com outras seqüências do GeneBank e RDP II.....	50
Tabela 3 –	Filos bacterianos encontrados em solos da região Amazônica Central e Oriental comparadas com o bando de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II através do programa <i>Library Compare</i> e números de clones representantes em cada filo encontrados em cada biblioteca.....	52
Tabela 4 –	Estimativas de riqueza de UTOs (Unidades Taxonômicas Operacionais) e índices de diversidade calculados a partir das bibliotecas de 16S rRNA de bactérias de solo Terra Preta Antropogênica e solo adjacente.....	62

LISTA ABREVIATURAS

%	Porcentagem
°C	Grau Celsius
µg	Micrograma
µL	Microlitro
cm	Centímetro
DNA	Ácido Desoxirribonucléico
dNTPs	Deoxiribonucleosideo Trifosfato
EDTA	Ácido Etileno Diamono Tetracético
g	Grama
GET	Glicose, EDTA. Tris-HCL
IPTG	Isopropil-beta-D-thiogalactopiranosideo
Kb	Kilobase
KOAc	Acetato de Potássio
m	Metro
M	Molar
mg	Miligrama
MgCl ₂	Cloreto do magnésio
mm	Milímetro
mL	Mililitro
mM	Milimolar
NaOH	Hidróxido de Sódio
nm	Nanômetro
ORF	“Operon Reading Frames” (Quadro aberto de leitura)
pb	Pares de Base
PCR	“Polymerase Chain Reaction” (Reação de polimerase em cadeia)
pH	Potencial Hidrogeniônico
pmol	PicoMoles
PVC	Policloreto Cloreto de Vinila
RDP	Ribossomal Database Project
RNA	Ácido Ribonucléico
RNAse	Ribonuclease
rRNA	Ácido Ribonucléico Ribossomal
rpm	Rotações Por Minuto
SDS	Sodium Dodecil Sulfato
<i>Taq</i>	<i>Thermus aquaticus</i>
TE	Tris-EDTA
TPA	Terra Preta Antropogênica
Tris	Tris-(hidroximetil)-aminometano
U	Unidade
UV	Radiação Ultravioleta
X-Gal	5-bromo-4-cloro-3-indolil-beta-D-galactopiranosideo

1 INTRODUÇÃO

A Terra Preta Antropogênica (TPA) ou Terra Preta de Índio (TPI) é uma unidade de solo de origem antrópica, existente na Amazônia. Provavelmente estes solos foram enriquecidos em nutrientes, pelo manejo de restos orgânicos e do fogo pelas populações pré-colombianas. São solos de coloração escura, altos teores de substâncias húmicas, fragmentos de cerâmica e artefatos indígenas incorporados a matriz dos horizontes superficiais do solo, o que originou a terminologia Terra Preta Antropogênica, utilizada por alguns autores (KERN; COSTA, 1997). Caracterizada por apresentar altos teores de nutrientes como cálcio, magnésio, fósforo e potássio e alguns micronutrientes, como o manganês e o zinco (SOMBROEK, 1966; KERN; KÄMPF, 1989; LEHMANN et al., 2002). As TPAs apresentam pH em torno de 5 a 7, elevados teores de matéria orgânica e intensa atividade biológica quando comparados com solos adjacentes, provenientes, provavelmente, de restos de ossos humanos e de animais (GLASER et al., 2001; LIMA et al., 2002). Outra característica da TPA é a sustentabilidade de sua fertilidade, sendo os microrganismos do solo fundamentais para a persistência da sua fertilidade.

Os microrganismos do solo são componentes essenciais para o funcionamento sustentável dos ecossistemas, sendo fundamentais no processo de fragmentação e decomposição da matéria orgânica e na disponibilização de nutrientes do solo (MOREIRA; SIQUEIRA, 2002).

A falta de conhecimento sobre a diversidade microbiana em amostras ambientais deve-se em grande parte aos métodos tradicionalmente utilizados para o isolamento e cultivo de microrganismos em laboratório (RANJARD et al., 2000). Amann et al. (1995) sugerem que apenas uma pequena fração dos organismos na natureza, ao redor de 0,1% ou no máximo 10% do total da população, é cultivável através do uso de técnicas microbiológicas tradicionais, deixando uma vasta porção dessa biota desconhecida e não estudada. A vasta diversidade de microrganismos não-cultiváveis em amostras ambientais estimulou o desenvolvimento de técnicas que permitissem o estudo das comunidades microbianas independentes de cultivo.

Grande avanço recente no campo da biologia molecular (extração de DNA, amplificação por PCR, clonagem de DNA e seqüenciamento de DNA) esta demonstrando a importância dessas

técnicas em estudos de diversidade microbiana permitindo o desenvolvimento de técnicas que não requerem o isolamento e cultivo de microrganismos, principalmente no estudo das bactérias, tornando possível a identificação dos microrganismos ainda desconhecidos e não identificados.

A maioria dos estudos realizados com TPA está voltada aos aspectos geológicos e antropológicos, sendo que os aspectos biológicos, como a diversidade microbiana do solo ainda são pouco conhecidos. São poucas as informações detalhadas e organizadas sobre esta biodiversidade, assim como estudos sobre o efeito de manejo de TPAs que caracterize a função específica da biodiversidade destes solos no desenvolvimento da sua fertilidade sustentável.

Contudo, este trabalho teve como objetivo estudar a diversidade bacteriana em solos TPA e respectivos solos adjacentes, na região Amazônica Central e Oriental, através de métodos moleculares. A diversidade das comunidades bacterianas foi avaliada através da extração do DNA genômico total do solo seguido de amplificação, clonagem e sequenciamento parcial do gene 16S rRNA. Por tanto esse estudo se torna importante para ilustrar o impacto das comunidades bacterianas presentes na TPA.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 Terra Preta Antropogênica

Na Amazônia os principais solos agricultáveis encontrados são os Latossolos Amarelos e os Argissolos, representando 74,7% da região, considerados solos pobres em nutrientes, com alto teor de acidez e com baixa capacidade de troca de cátions (VIEIRA; SANTOS, 1987), tornando-se um fator limitante para a produtividade e sustentabilidade dos sistemas de produção agrícola desta região. Porém, na mesma região é encontrado um dos solos mais férteis do mundo identificado como Terra Preta Antropogênica (TPA) ou Terra Preta de Índio, representando uma pequena parcela dos solos Amazônicos, provavelmente cobrindo pelo menos entre 0,1 a 0,3% (15.500-20.700 km²) da área florestada da Amazônia (SOMBROEK et al., 2003).

A TPA recebe esta denominação por ser encontrada em sítios arqueológicos onde viveram grupos pré-históricos (KERN; COSTA, 1997). Caracterizada por apresentar altos teores de nutrientes como cálcio, magnésio, fósforo e potássio e alguns micronutrientes, como o manganês e o zinco (SOMBROEK, 1966; KERN; KÄMPF, 1989; LEHMANN et al., 2002). Esses solos apresentam pH em torno de 5 a 7, elevados teores de matéria orgânica e intensa atividade biológica quando comparados com solos adjacentes, provenientes, provavelmente, de restos de ossos humanos e de animais (GLASER et al., 2001; LIMA et al., 2002). Também, a saturação por alumínio e ferro é baixa (KERN; KÄMPF, 1989). Os solos TPAs são de coloração escura, altos teores de substâncias húmicas e visível distribuição de fragmentos de cerâmica e artefatos indígenas incorporados a matriz dos horizontes superficiais do solo (Figura 1), por vezes fragmentos ou acúmulos de conchas e carvão (BAENA; FALESI, 2001). As áreas com TPA são encontradas sobre os mais diversos tipos de solos, como latossolos, podizóis, podizólicos e terra roxa estruturada (SMITH, 1980; KERN, 1988; KERN; KÄMPF, 1989), e normalmente se localizam em terra firme próxima às margens de baía, rios e igarapés, ocupando posições em áreas mais elevadas (Figura 2).

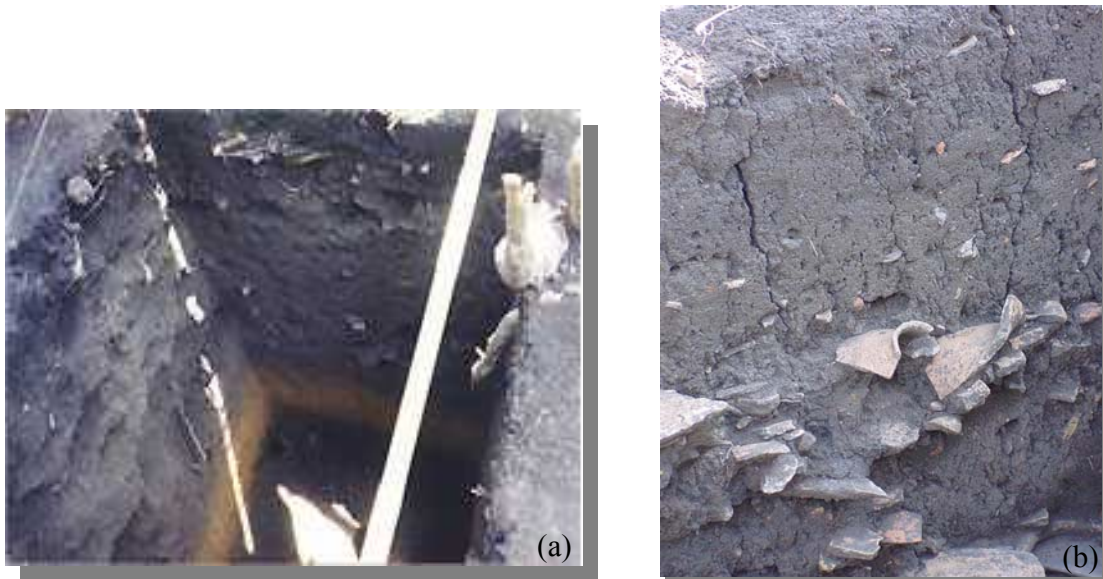


Figura 1 – (a) Perfil de solo contendo TPA (coloração escura) sobre camada de latossolo (coloração clara);
(b) Fragmentos de cerâmica e artefatos indígenas na TPA

Estes solos ocorrem em manchas redondas isoladas (FALESI et al., 1972) de diferentes dimensões. Ocupam normalmente pequenas áreas, em torno de 0,5 a 3 hectares (SMITH, 1980), havendo, porém, indicações de sítios, na Estação Científica Ferreira Penna - Floresta Nacional de Caxiuanã (PA), que se estendem por mais de 100 ha. Apesar da grande quantidade de sítios arqueológicos já conhecidos, não se tem um mapeamento de todas as ocorrências de TPA na Amazônia. Quanto à espessura, está geralmente em torno de 30 a 60 cm, podendo em alguns sítios atingir até 2 m de profundidade (SMITH, 1980). Apresenta a seguinte seqüência de horizontes: A1, A2, AB, BA e B, onde a camada antrópica é mais expressiva nos horizontes A e AB.

A TPA foi descrita pela primeira vez por Hartt (1885) quando este pesquisava os arredores de Taperinha – Pará, o qual se referiu as terras pretas da seguinte maneira: “(...) os solos consistem em uma rica e fofa terra vegetal de cor preta, conhecida pelo nome de terra preta”. Este solo é extremamente fértil, ficando úmido durante toda a estação de seca e especialmente apropriado para a cultura de cana. Desde 1960 os estudos realizados com Terra Preta eram tradicionalmente do domínio de arqueólogos, etnobotânicos, geógrafos e cientistas do solo trabalhando individualmente. A partir de 1980 a pesquisa com Terra Preta tornou-se

interdisciplinar e multidisciplinar (ERICKSON, 2003). Wim Sombroek incluiu os solos chamados Terra Preta de Índio em sua dissertação sobre solos Amazônicos publicada em 1966, disponibilizando os primeiros estudos químicos observando seu potencial para o aumento da fertilidade do solo (LEHMANN et al., 2002).

A grande dúvida e as maiores divergências sobre a terra preta é a sua formação. Uma das hipóteses seria de que a TPA é originada de eventos geológicos, cinzas vulcânicas, decomposição de rochas vulcânicas ou a partir de sedimentos depositados nos fundos de lagos extintos (FALESI, 1972). Contudo, dados mais recentes apontam que a TPA teria origem antrópica, ou seja, seria resultado de antigos assentamentos indígenas, particularmente ao longo dos rios.



Figura 2 – Localização da área mais elevada onde se encontra a Terra Preta Antropogênica (TPA), localizada na Floresta Nacional de Caxiuanã – sítio Mina I

Provavelmente estes solos de origem antrópica foram enriquecidos em nutrientes pelo manejo de restos orgânicos e do fogo pelas populações pré-colombianas, ao longo de centenas de anos. Como resultado dos resíduos orgânicos, vegetal e animal, acumulados nesses assentamentos como folhas, sementes, cascas de mandioca, ossos, sangue, fezes, conchas, formou-se um material orgânico estável com microecossistemas próprios que não se esgotam rapidamente, sendo que o efeito do uso agrícola na fertilidade de TPA, comparado com outros

solos da região é menos danoso por causa do efeito tampão que nas TPAs podem existir, ou seja, o uso agrícola pouco altera sua ótima fertilidade (MADARI et al., 2002).

Os microrganismos do solo são fundamentais para a persistência da fertilidade conforme demonstrado recentemente em levantamento sobre as comunidades bacterianas em quatro solos TPAs e adjacências (O'NEILL et al., 2006).

A presença de material orgânico estável e a grande atividade biológica indicam que a TPA pode ser um sítio de alta diversidade microbiana, constituindo numa fonte de germoplasma microbiano (TSAI et al., 2003). Atualmente são poucas as informações detalhadas e organizadas sobre esta biodiversidade, assim como estudos sobre o efeito de manejo de TPAs que caracterize a função específica da biodiversidade destes solos no desenvolvimento da sua fertilidade sustentável. A maioria dos estudos realizados com TPA está voltada aos aspectos geológicos e antropológicos, sendo que os aspectos biológicos, como por exemplo, a diversidade microbiana do solo ainda são pouco conhecidos.

2.1.2 Diversidade Microbiana do Solo

Os microrganismos procarióticos dividem-se, taxonomicamente, em dois domínios: Bacteria e Archaea, representando a maior parte da biota da Terra (LAMBAIS et al., 2005). Segundo estimativas de Whitman et al. (1998), entre 2-3% dos procariotos ocorrem nas águas dos oceanos, 4,5-6,5% ocorrem no solo e a vasta maioria em subsuperfície (LAMBAIS et al., 2005).

Os microrganismos do solo são componentes essenciais para o funcionamento sustentável dos ecossistemas, sendo fundamentais no processo de fragmentação e decomposição da matéria orgânica e na disponibilização de nutrientes do solo, entre outras (MOREIRA; SIQUEIRA, 2002). As atividades dos microrganismos estão baseadas em sua notável diversidade metabólica e adaptabilidade genética (KURTBOKE et al., 2004), o que os torna uma importante fonte de recursos genéticos para o avanço biotecnológico e para o desenvolvimento sustentável. Entretanto, para uma qualidade do solo é importante manter a diversidade microbiana, pois os

microrganismos desempenham funções importantes como a remoção de toxinas, participação no ciclo de carbono, nitrogênio, fósforo, e outros (BORNEMAN et al., 1996).

Tradicionalmente, os microrganismos são estudados individualmente e caracterizados, através do desenvolvimento de técnicas de cultivo puro, por critérios nutricionais e bioquímicos. Contudo, a abordagem de cultivo puro limita a avaliação taxonômica e filogenética da diversidade microbiana devido à impossibilidade de cultivo da grande parte dos microrganismos através de métodos convencionais (PACE, 1997), os chamados microrganismos não cultiváveis. Esses métodos clássicos de cultivo microbiano limitam o conhecimento sobre as interações ecológicas entre os microrganismos, o que dificulta e impede a compreensão de processos dinâmicos que ocorrem no meio ambiente (ATLAS; BARTHA, 1997). No entanto, tem sido demonstrado que os microrganismos cultivados representam apenas uma pequena fração da diversidade de espécies em comunidade microbiana. Um grama de solo pode conter 10 bilhões de microrganismos, representando milhares de espécies (ROSSELÓ-MORA; AMANN, 2001). Porém, a diversidade é tão vasta quanto desconhecida.

Entretanto, na última década, estudos com diversidade microbiana do solo têm sido bastante discutidos devido ao grande avanço dos estudos moleculares que têm favorecido a avaliação dos microrganismos em amostras ambientais (TIEDJE et al., 2001). O principal argumento a favor das técnicas moleculares em estudos envolvendo amostras ambientais se dá ao fato de a diversidade microbiana permanecer-se naturalmente inalterada ao longo do ano (JOHNSON et al., 2003). Desta maneira, as ferramentas moleculares e tecnologias baseadas em seqüências gênicas vêm reduzindo as limitações existentes com métodos de cultivo e revelando novas perspectivas sobre a diversidade dos microrganismos.

A caracterização dos microrganismos não-cultiváveis, utilizando métodos moleculares é uma maneira de identificar e conhecer suas distribuições e funções no meio ambiente. Microrganismos não-cultiváveis presentes no solo são filogeneticamente distintos dos cultiváveis e seus requerimentos para cultura em laboratório ainda não foram determinados. Com isso, essa hipótese tem sido apoiada por trabalhos indicando que a diversidade microbiana presentes em

diversos ambientes é maior que aquela obtida pela análise de seqüência de microrganismos cultiváveis (RONDON et al., 1999).

Os estudos de diversidade microbiana através de técnicas moleculares geralmente envolvem o sequenciamento de um trecho do DNA que seja informativo, como genes contendo seqüências conservadas para o desenho de oligos iniciadores e ao mesmo tempo contendo seqüências variáveis do ponto de vista filogenético. Um gene bastante utilizado neste tipo de análise é o gene 16S rRNA (ácido ribonucléico ribossomal).

Com o desenvolvimento das técnicas de classificação de microrganismos com base nas seqüências de nucleotídeos do rRNA, o número de espécies microbianas descritas tem aumentado significativamente (LAMBAIS et al., 2005). O domínio Bactéria compreende 25 filos enquanto que o domínio Archaea compreende 23 filos (GARRITY et al., 2004). Segundo Lewinsohn e Prado (2002) estimava-se que no Brasil existia um número entre 300 a 450 espécies de bactérias descritas e conhecidas. Mundialmente o número de bactérias descritas, segundo os mesmos autores, era em torno de 4200 espécies, isso demonstra a necessidade de conhecer e estudar a diversidade bacteriana, tornando-se necessários métodos rápidos de análises para a diversidade microbiana.

Recentemente, Lambais et al. (2006), estudaram a biodiversidade microbiana em filosfera de três espécies de árvores da Floresta Amazônica e indicaram um diversidade de 95 a 671 espécies por amostra.

Estudos de diversidade bacteriana em solos de florestas subtropical e tropical do sudeste da China, foram realizados através de análises de seqüências e *Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism* (T-RFLP) do gene 16S rRNA. A predominância de *Acidobateria* foi verificada em ambos os solos estudados, seguidos por *Proteobacteria*, *Planctomycete* e *Verrucomicrobia* (CHAN et al., 2006).

Gomez-Alvarez et al. (2007) caracterizaram a diversidade bacteriana do solo de quatro áreas de depósitos vulcânicos no Hawaii, ocorridos em 1959, 1921, 1790 e 1700. Através da

caracterização molecular utilizando o gene 16S rRNA para construção de bibliotecas, observou-se que, por influência de alguns parâmetros ambientais, o maior índice de diversidade foi encontrado no depósito de 1790, o menor em 1921 e valores intermediários nos depósitos de 1959 e 1700. Nas áreas de 1959 e 1790 houve predominância das comunidades *Acidobacteria*, *Alpha e Gammaproteobacteria*, *Actinobacteria*, *Cyanobacteria* e muitos organismos não classificados.

2.1.3 Diversidade bacteriana em solos TPAs da Amazônia

Estudos realizados com amostras de solo de floresta e pastagem na região da Amazônia oriental (próximo ao município de Paragominas-PA), utilizando técnicas moleculares como: amplificação, clonagem e sequenciamento do gene 16S rRNA, revelaram a ocorrência de microrganismos pouco comuns em amostras ambientais e demonstram também o impacto do desmatamento sobre a diversidade microbiana. Os resultados demonstraram em 98% o domínio do Domínio Bactéria em relação a 2% a Archaea, sendo que algumas seqüências sugerem a existência de uma nova subdivisão do grupo *Proteobacteria* (BORNEMAN; TRIPLETT, 1997).

Recentemente Kim et al. (2007) realizaram estudos de diversidade bacteriana com amostras de solos de floresta e solo TPA, na região da Amazônia Ocidental, utilizando técnicas moleculares a partir de seqüências do gene 16S rRNA de 1500 clones. Observou-se a predominância de *Acidobacteria* em ambos os solos, porém, solos de TPA apresentaram 25% a mais de diversidade bacteriana.

Nos ecossistemas amazônicos, durante a época seca, os microrganismos (principalmente fungos e bactérias) atuam em grande número na liteira em decomposição sobre o solo a fim de garantir a incorporação dos elementos minerais no perfil do solo. Rizóbio, fungos micorrízicos e solubilizadores de fosfato são microrganismos do solo que têm indicado suas importâncias nos ecossistemas de terra firme, inclusive com aumentos significativos no desenvolvimento das plantas (FARIAS; OLIVEIRA, 1994). Alguns microrganismos encontrados em TPA são capazes de sintetizar as substâncias húmicas de forma diferente dos demais microrganismos, encontrados

em solos adjacentes. Desta forma, os microrganismos de TPA podem ter contribuído para a formação e sustentabilidade destes solos.

Solos TPAs podem exibir considerável heterogeneidade espacial e temporal na distribuição de populações microbianas (THIES; SUZUKI, 2003). Tsai et al. (2003) avaliaram a diversidade bacteriana em solos TPAs, coletados na região da Estação Experimental de Iranduba, pertencente a Embrapa Amazônia Ocidental. A área coletada possui um histórico de uso agrícola, contudo esta abandonada por volta de 20 anos, tendo assim estabelecida uma vegetação secundária. Esse trabalho utilizou técnicas moleculares com base no seqüenciamento do gene 16S rRNA. Os autores encontraram além de uma alta diversidade bacteriana, alta ocorrência de clones homólogos a bactérias não cultivadas. Isto demonstra a necessidade de maior intensidade de estudos nesses ambientes, que podem ser “hot spot” de diversidade bacteriana pouco conhecida.

Atualmente, há um grande interesse científico na elucidação da gênese de TPA, principalmente pela possibilidade de replicação destas áreas.

2.1.4 Importância das técnicas moleculares em estudos de diversidade

A falta de conhecimento sobre a diversidade microbiana em amostras ambientais deve-se em grande parte aos métodos tradicionalmente utilizados para o isolamento e cultivo de microrganismos em laboratório (RANJARD et al., 2000). Amann et al. (1995) sugerem que apenas uma pequena fração dos organismos na natureza, ao redor de 0,1% ou no máximo 10% do total da população, é cultivável através do uso de técnicas microbiológicas tradicionais, deixando uma vasta porção dessa biota desconhecida e não estudada.

O conhecimento da biodiversidade e bioprospecção de novos microrganismos tornam-se uns dos focos principais da era biotecnológica, visto que a utilização destes organismos na busca de soluções nas áreas de alimento, saúde, meio ambiente e indústria vêm crescendo de forma acelerada no atual cenário mundial. Métodos tradicionalmente utilizados para a detecção e identificação das bactérias eram realizados de acordo com os principais meios de obtenção de carbono e energia, exigências nutricionais e meio de cultivo para seu crescimento, além da

observação via microscópio (KENNEDY, 1999; HERBERT, 1990), os quais forneciam informações limitadas com necessidade de maior refinamento. Torsvik et al. (1990) estudaram populações bacterianas de solo através de técnicas moleculares, os quais encontraram 4000 diferentes genomas, sendo uma estimativa 200 vezes maior do que a obtida através das técnicas tradicionais.

Os avanços recentes no campo da biologia molecular (extração de DNA, amplificação por PCR, clonagem de DNA e seqüenciamento de DNA) estão demonstrando a importância dessas técnicas em estudos de diversidade microbiana permitindo o desenvolvimento de técnicas que não requerem o isolamento e cultivo de microrganismos, principalmente no estudo das bactérias, tornando possível a identificação dos microrganismos ainda desconhecidos e não identificados.

Com o desenvolvimento da técnica conhecida como PCR (Polymerase Chain Reaction) os métodos moleculares receberam um grande impulso. Descrita por Saiki et al. (1985), essa técnica permite amplificar pequenos e específicos fragmentos do genoma, permitindo a obtenção de várias cópias de determinada região do DNA. Devido à reação ser específica pode-se obter a amplificação de seqüências de nucleotídeos-alvo mesmo em uma amostra que tem grande diversidade de seqüências, permitindo a detecção de organismos específicos em misturas heterogêneas. Seqüências do DNA de determinados microrganismos podem ser amplificadas, utilizando-se *primers* (seqüências iniciadoras) complementares àquelas localizadas em locais específicos do genoma. O que ocorre é a extensão do fragmento de DNA a partir dos *primers*, pela ação de uma DNA polimerase termoestável, a Taq DNA polimerase (isolada originalmente do microrganismo *Thermus aquaticus*). Antes da extensão o DNA é desnaturado e o *primer* anelado sendo o ciclo repetido várias vezes, permitindo a amplificação exponencial daquela seqüência específica (SAIKI et al., 1985).

Grande parte das técnicas moleculares utilizadas atualmente apropria-se da PCR ou de suas variações para o estudo da diversidade microbiana nos mais diferentes ambientes (REIS JR et al., 2002). Outras técnicas moleculares, têm sido amplamente empregadas na caracterização de comunidades de microrganismos em amostras ambientais, como de DGGE (*Denaturing Gradient Gel Electrophoresis*), de RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), ARDRA

(*Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis*), T-RFLP (*Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism*), rRNA (*ácido ribonucléico ribossomal*) como marcador filogenético e PCR-clonagem-sequenciamento – metagenômica. Essas técnicas moleculares vêm sendo muito utilizadas para aprimorar os estudos da diversidade bacteriana nos mais diferentes ambientes.

2.1.5 Gene 16S rRNA e análise das seqüências 16S rRNA

O ribossomo bacteriano é composto do RNA ribossomal e várias proteínas. Ele é constituído de duas subunidades principais, a 40S (denominada subunidade maior) e a 30S (subunidade menor). Na subunidade maior estão as moléculas de 23S, 5S rRNA e mais 31 proteínas (Figura 3). Na subunidade menor estão o 16S rRNA e mais 21 proteínas (WOODSON; LEONTIS, 1998). Os genes rRNAs, são universalmente distribuídos nos diferentes grupos de seres vivos, sendo a molécula que apresenta o maior grau de conservação existente. Sua variabilidade pode apresentar-se em maior ou menor extensão em diferentes regiões da molécula (LANE et al., 1985). O 16S rRNA, é um fragmento de aproximadamente 1500 nucleotídeos, são presentes em todos os seres vivos e gera grande quantidade de informações úteis para inferências filogenéticas (AMANN; LUDWING, 2000). A vantagem de utilizar essa técnica é a disponibilidade de um grande número de seqüências da 16S rRNA depositadas em bancos de dados como Gen-Bank, RDP, EMBL acessíveis gratuitamente, permitindo a comparação de novas seqüências obtidas com as seqüências presentes nessas bases (COUTINHO et al., 1999). Seu papel funcional no sistema de processamento de informações deve ter sido bem estabelecido nos primeiros ancestrais comuns de Bactérias - *Archaea* e *Eucarya*.

O marco principal do uso de marcadores moleculares foi quando Woese em 1987 descreveu o uso do gene 16S rRNA (RNA ribossômico) na filogenia de bactérias (WOESE, 1987). As seqüências de rRNA contendo domínios altamente conservados, intercalados com regiões variáveis (HEAD et al., 1998). A comparação de seqüências de rRNA é uma ferramenta importante para determinação de relações filogenéticas e evolutivas entre os organismos (WEISBURG et al., 1991), na avaliação da diversidade em amostras ambientais e na detecção e quantificação de populações específicas (HEAD et al., 1998).

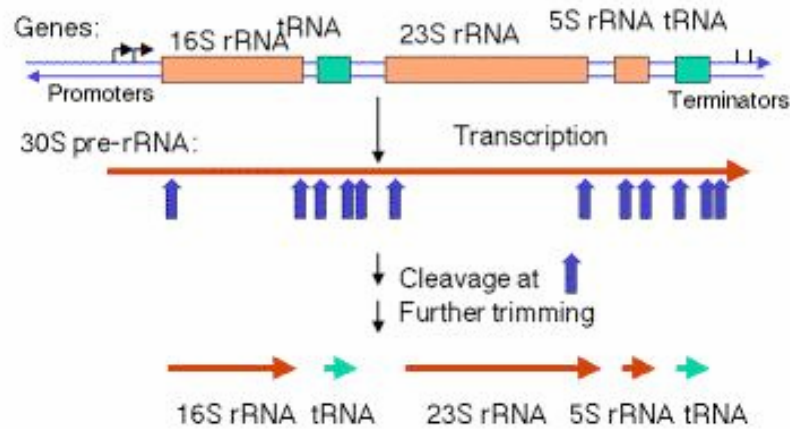


Figura 3 – Organização do operon do RNA ribossômico

(Fonte: <http://www.personal.psu.edu/.../image002.png>)

Metagenoma é a análise genômica de microrganismos de uma amostra ambiental que na sua maioria não pode ser isolada e crescida em laboratório. Uma biblioteca genômica derivada da amplificação dessas amostras é produzida pelo método de clonagem. Os DNAs metagenômicos amplificados a partir de *primers* específicos são ligados em vetores apropriados pela ação da DNA ligase e, em seguida, é caracterizada uma parcela dos clones via sequenciamento ou análise de restrição (ARMANN; LUDWING, 2000; MCCAIG et al., 1999). Após o sequenciamento dos clones de amostras ambientais é gerada uma grande quantidade de seqüências de nucleotídeos. Essas seqüências são editadas para remoção de bases de baixa qualidade, por meio dos programas PHRED/PHRAP (BRENT; PHILL, 1998), para posteriormente serem utilizadas em estudos de filogenia. O tratamento de grandes quantidades de dados exige uma abordagem sistemática e automatizada, havendo necessidade de algoritmos específicos (LAMBALIS et al., 2005).

Normalmente as análises da diversidade e a comparação da de comunidades de procariotos são baseadas no grau de similaridade entre seqüências de 16S rRNA, as quais são agrupadas em unidades taxonômicas operacionais (UTOs) ou filotipos (NUBEL et al., 1999; STACH et al., 2003). As seqüências de 16S rRNA com similaridade maiores que 97% são consideradas da mesma espécie, maiores que 95% do mesmo gênero e maiores que 80% do mesmo filo (BORNEMAM; TRIPLET, 1997; NUBEL et al., 1999; SCHLOSS;

HANDELSMAN, 2005). O uso de UTOs é apropriado para comparar riqueza relativa quando se avalia seqüências de 16S rRNA de uma mesma região ou de mesmo tamanho (STACH et al., 2003). No entanto, a estimativa da diversidade baseada em UTOs deve ser cuidadosamente interpretada, já que os níveis de similaridade entre as seqüências de 16S rRNA para definição de UTOs não são consensuais (NUNES, 2006).

As seqüências de 16S rRNA geradas a partir do sequenciamento podem ser comparadas com seqüências depositadas em bancos de dados públicos (GenBank do NCBI e Ribosomal Database Project II). O banco de dados do GenBank permite a determinação do organismo com seqüência mais similar e suas possíveis funções no solo (CURY, 2006). O banco de dados do Ribosomal Database Project II (RDP II) permite a determinação das relações filogenéticas das seqüências de 16S rRNA obtidas com seqüências depositadas. O RDP II obtém as seqüências de rRNA mensalmente a partir do Banco de Dados de Seqüência Internacional (International Nucleotide Sequence Database: GenBank/EMBL/DDBJ). Essas seqüências são alinhadas com seqüências gerais de rRNA bacteriano através de um modelo que incorpora informações sobre a estrutura secundária da molécula aumentando a confiabilidade. O RDP possui também um sistema de classificação taxonômica (*RDP Hierarchy*) que segue a proposta do Manual Bergeys (GARRITY et al., 2004) no qual os principais níveis taxonômicos, em ordem decrescente são: Domínio, Filo, Classe, Ordem, Família, Gênero e Espécie.

A comparação do banco de dados do RDP II feita através do programa *Classifier* utiliza um sistema de pareamento de palavras combinado com uma estatística de Baesyana (COLE et al., 2005). O programa *Classifier* tem como objetivo fornecer uma classificação taxonômica inicial para a seqüência submetida e requer um alinhamento prévio dessa seqüência com as seqüências disponíveis no *RDP Hierarchy*.

Métodos paramétricos e não-paramétricos são utilizados para estimar a riqueza de filotipos em comunidades microbianas de amostras ambientais (BOHANNAN; HUGHES, 2003; GASTON, 1996; CHAO et al., 2006; SHEN et al., 2003). Estimativas do aumento de UTOs em função do número de seqüências de um nível filogenético são feitas pelo método da rarefação. Outros métodos são utilizados para estimar a riqueza de UTOs na comunidade, tais como o

estimador *Jackknife* baseado na frequência observada de UTOs raras e o estimador *Bootstrap* definido por sub amostragens aleatórias do conjunto de filotipos. São empregados ainda os métodos não-paramétricos *ACE* (Abundance based Coverage Estimator) e *Chao1* (CHAO et al., 2006) capazes de promover estimativas que também variam com o número de seqüências.

Devido à complexidade da série logarítmica e da distribuição Lognormal e a baixa justificativa teórica para estas técnicas estatísticas têm-se retomado uma variedade de medidas não-paramétricas de diversidade que não fazem suposição sobre a forma da curva espécie-abundância. A primeira medida não-paramétrica de diversidade foi proposta por Simpson (1949). Simpson sugeriu que a diversidade era inversamente relatada pela probabilidade de que dois indivíduos escolhidos ao acaso pertencessem à mesma espécie (KREBS, 1998). A medida mais popular de diversidade de espécies é o índice de *Shannon* (H') (SHANNON; WEANER, 1949). Esta medida é baseada na teoria da informação, sendo considerada uma medida da incerteza de que duas seqüências pertençam à mesma UTOs. Quanto maior o valor de H' , maior a incerteza (KREBS, 1998).

Os dados gerados a partir da clonagem do 16S rRNA tem possibilitado a característica da estrutura da comunidade microbiana presente em uma determinada amostra e a identificação de espécies predominantes, que podem ser utilizadas como indicadoras de qualidade do solo. Por exemplo, baseado nestas técnicas, foi identificada uma bactéria não cultivável em meio de cultura tradicional capaz de oxidar amônia e (LIESACK; STACKEBRANDT, 1992; FELSKE et al., 1997), mostrando que o gênero *Nitrosomonas*, ao contrário que se pensava, não é o grupo funcional mais importante desse processo dentre as bactérias do solo.

Em estudos recentes tem confirmado que esta forma de análise é uma fonte vasta de recursos para a prospecção de novos produtos biotecnológicos (COURTOIS et al., 2003; MACNEIL et al., 2001; RONDON et al., 1999). Novos genes e novos produtos gênicos têm sido descobertos através dessa técnica, incluindo novas moléculas com atividade antimicrobiana e novos membros de famílias de proteínas conhecidas (HANDELSMAN, 2004).

Objetivos

Objetivo geral

Determinar a diversidade microbiana, através de métodos moleculares independentes de cultivo, em solos TPA (Terra Preta Antropogênica) e respectivos solos adjacentes, em dois sítios localizados:

- a) Amazônia Central (Lagoa Balbina – AM);
- b) Amazônia Oriental (Floresta Nacional de Caxiuanã – PA).

Objetivos específicos

- Isolar DNA genômico total dos solos Terra Preta Antropogênica e os respectivos solos adjacentes coletados em duas regiões: Lagoa Balbina (Amazônia Central- Amazonas) e Floresta Nacional de Caxiuanã – sítio arqueológico Mina I (Amazônia Oriental - Pará);
- Amplificação, clonagem do gene 16S rRNA de *Bactéria*, e sequenciamento da região inicial 5' do gene que codifica para o 16S rRNA dos clones obtidos;
- Análise comparativa da diversidade bacteriana presente no solo TPA e respectivo solo adjacente, através do banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Library Compare* e programa *Classifier*;
- Determinação da diversidade bacteriana através de índices de diversidade *Simpson Shannon* e estimadores de riqueza *ACE*, *Chao1*, *Jackknife* e *Bootstrap*.

2.2 Material e Métodos

O presente trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Microbiologia e Biologia Molecular do Centro de Energia Nuclear na Agricultura da Universidade de São Paulo, CENA/USP, Piracicaba-SP. Uma representação explicativa das etapas realizadas neste trabalho pode ser visualizada na Figura 4.

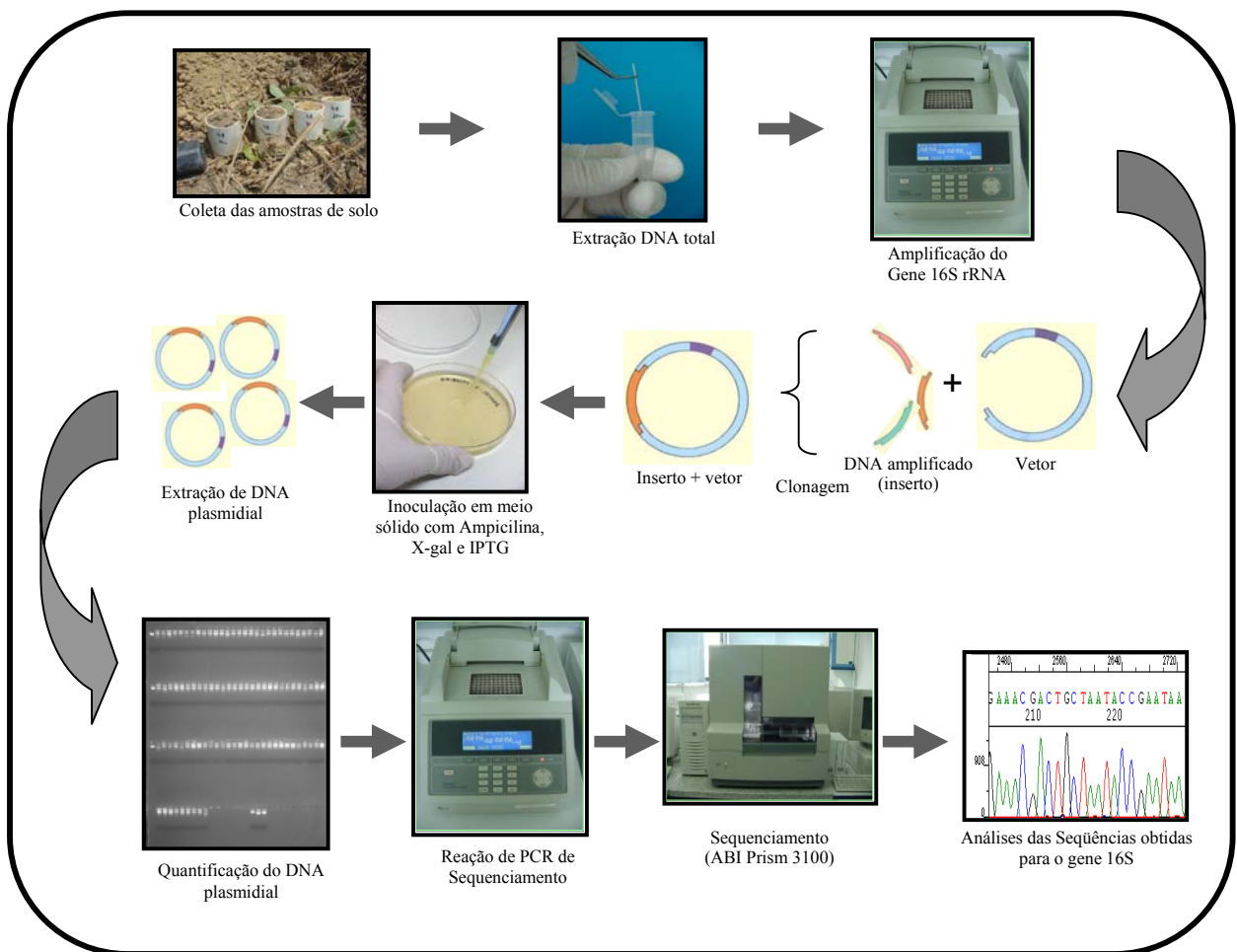


Figura 4 – Esquema representativo das principais etapas realizadas no trabalho

2.2.1 Área de estudo

Foram coletados solos TPAs não perturbados e adjacências em duas regiões: Lagoa Balbina (Amazônia Central- Amazonas) e Floresta Nacional de Caxiuanã (Amazônia Oriental - Pará). A primeira área de estudo está localizada próxima à Comunidade Rumo Certo no município de Presidente Figueiredo (AM), às margens da lagoa da Hidroelétrica Balbina, na Amazônia Central, a 187 km de Manaus (Figura 5). As coordenadas geográficas da área de TPA são 1°30'26,4"S e 60°05'34"W, e da área de solo adjacente são 1°30'27"S e 60°05'33"W. O clima é quente e úmido com temperatura média entre 25°C e 35°C. A vegetação é formada pela Floresta Tropical, com grande predominância de terras acidentadas e o solo apresenta características arenosas nas áreas mais altas e argilosas nas áreas mais baixas. A área de TPA é classificada como Latossolo Amarelo Antrópico e o solo adjacente, caracterizado como solo de agricultura de subsistência, localizado entre as áreas de TPA e várzea. O solo adjacente é classificado como Latossolo Amarelo, não tendo sido cultivado ou perturbado por mais de 20 anos.

A segunda área de estudo está localizada na Floresta Nacional de Caxiuanã, a 400 km de Belém (PA), a qual se encontra no município de Melgaço/PA, na Amazônia Oriental, entre a ilha de Marajó e o rio Xingu (Figura 6). As coordenadas geográficas da área de TPA são 1°40'45,5"S e 51°20'71"W. O clima é quente e úmido com temperatura média entre 25°C e 35°C. Nesta área foram catalogados mais de 27 sítios TPAs que atestam a ocupação humana da região por povos pré-colombianos (SILVEIRA et al., 2002; KERN; COSTA 1997). O sítio TPA conhecido como Sítio Mina I (sítio sambaqui – acúmulo de conchas, antes denominada Mina de Sarnambi, devido às conchas serem retiradas para a fabricação de cal), está incluído dentre os sítios catalogados na Floresta Nacional de Caxiuanã. Essa área, apesar de não haver moradia atualmente, possui plantações de seringueiras, laranja, açaí, buriti, etc. O solo adjacente possui coloração marrom, classificado como floresta nativa natural e se encontra a aproximadamente 100 metros da trincheira do solo TPA.

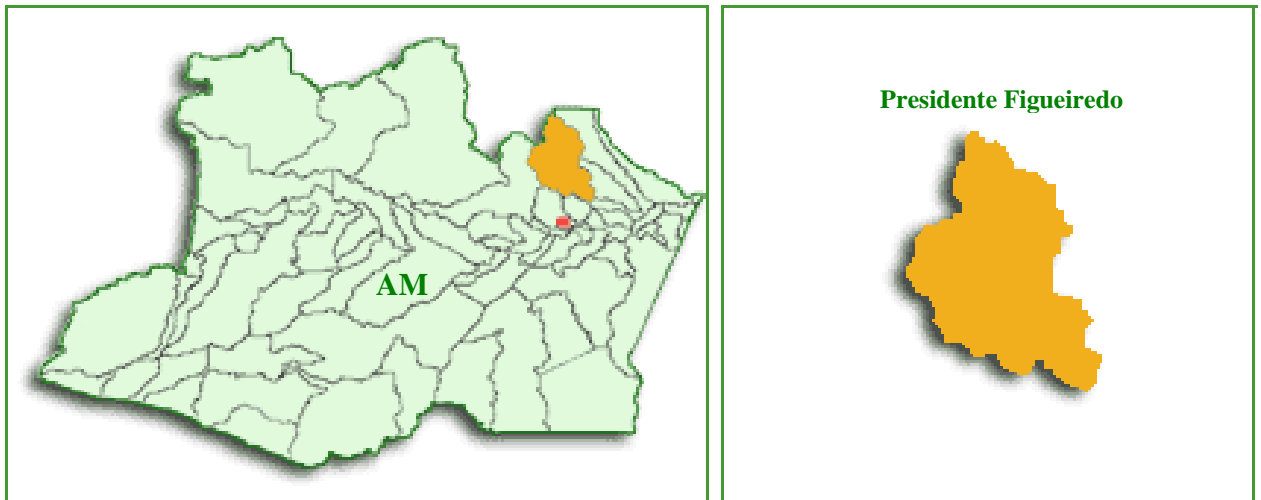


Figura 5 – Localização do município de Presidente Figueiredo-AM



Figura 6 – Localização da Floresta Nacional de Caxiuanã. Fonte: Google

2.2.2 Amostragem

Foram feitas quatro coletas de solos na área de Presidente Figueiredo (Figura 7): duas em solo TPA, amostras de 10 e 20 cm de profundidade (BITPA), e duas em solo adjacente à TPA, amostras de 10 e 20 cm (BIADJ). Na área de Floresta Nacional de Caxiuanã – Sítio Arqueológico Mina I também foram realizadas quatro coletas de solos: duas em solo TPA, amostras de 10 e 20 cm (MITPA), e duas em solo adjacente à TPA, amostras de 10 e 20 cm (MIADJ).

As coletas foram realizadas com tubos de PVC (5 cm de comprimento por 50 mm de diâmetro) previamente esterilizados, a uma trincheira de 1x 1m e de, aproximadamente, 60 cm de profundidade (Figura 8 a; b), com cinco repetições em cada profundidade, totalizando 40 amostras. Após a coleta as amostras foram acondicionadas, armazenadas sob baixa temperatura (4°C) e enviadas imediatamente para o Laboratório de Biologia Celular e Molecular – CENA/USP.



Figura 7 – A vegetação é sempre exuberante onde existe Terra Preta. À direita, Jean Peixoto (UFAM-AM) prepara a trincheira para a coleta de amostras de solo TPA ao longo do perfil, após a limpeza do terreno. Sítio localizado na Lagoa Balbina – Sítio Terra Preta, Hidroelétrica de Balbina, AM

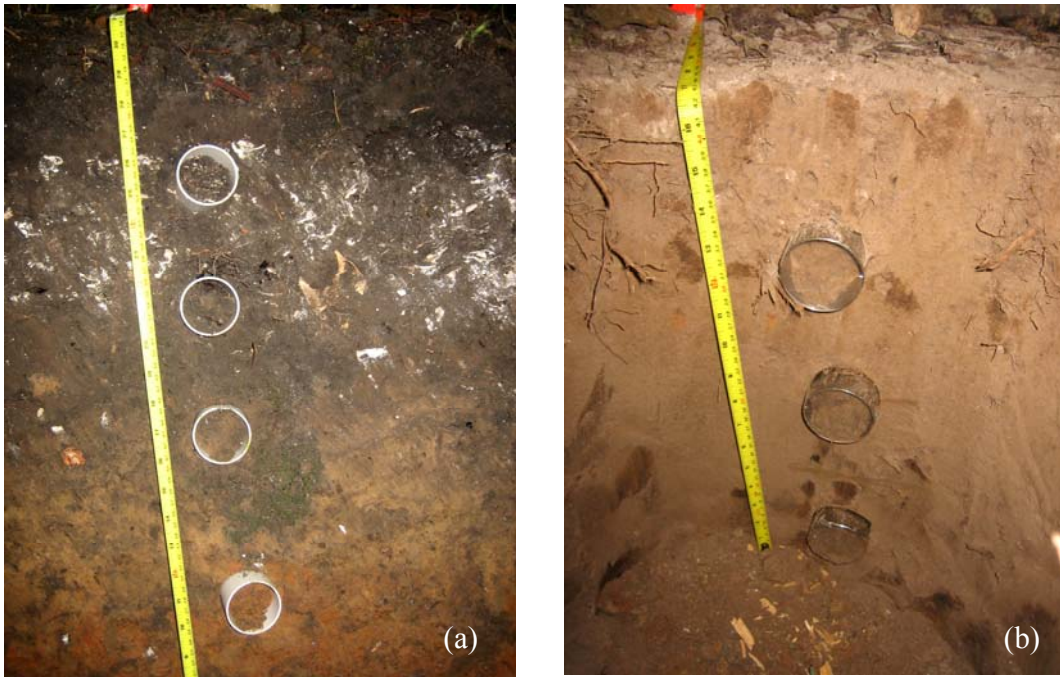


Figura 8 – (a) Coleta realizada no Sítio Mina I - MITPA. (b) Coleta realizada no Sítio Mina I – MIADJ.
Este sítio está localizado no Parque Nacional de Caxiuanã – Pará

2.2.3 Caracterização química do solo

Foram realizadas análises químicas dos solos das 4 amostras avaliadas neste estudo (Tabela 1), sendo elas: Balbina Terra Preta (BITPA) e Adjacente (BIADJ) e Mina I Terra Preta (MITPA) e Adjacente (MIADJ). As amostras analisadas foram compostas de 5 repetições para cada profundidade.

Tabela 1 – Caracterização química das amostras de solo (Análises realizadas na ESALQ/USP e no Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Solos e Recursos Ambientais do IAC – Campinas, SP)

Amostra	Profundidade	pH	M.O	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	S.B	CTC	V	B	Cu	Fé	Mn	Zn
	cm	CaCl ₂	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	g/dm ³	%	mg/dm ³	mg/dm ³	mg/dm ³	mg/dm ³	mg/dm ³
BITPA	00-10	4,7	55	17	0,6	54	8	2	98	62,6	160,6	-	-	-	-	-	-
BITPA	10-20	4,6	50	15	0,6	38	5	4	88	43,6	131,6	-	-	-	-	-	-
BIADJ	00-10	4,4	54	11	1,1	35	9	5	80	45,1	125,1	-	-	-	-	-	-
BIADJ	10-20	3,7	23	4	0,3	6	1	16	121	7,3	128,3	-	-	-	-	-	-
MITPA	00-10	7,2	59	195	0,3	426	1	<1	9	427,3	436	98	0,1	1,2	16	13,5	2,6
MITPA	10-20	7,3	30	135	0,2	264	1	<1	8	265,2	273	97	0,08	0,7	11	9,5	1
MIADJ	00-10	4,0	27	21	0,6	17	1	15	80	18,6	98,1	19	0,2	0,2	214	3,4	0,5
MIADJ	10-20	4,0	20	19	0,3	8	<1	22	88	8,3	96,7	9	0,16	0,2	204	<0,1	0,3

S.B: Soma de Bases; CTC: Capacidade de Troca Catiônica; V: Saturação por Bases; BITPA: Balbina TPA; BIADJ: Balbina adjacente; MITPA: Mina TPA; MIADJ: Mina Adjacente; (-) não determinada

2.2.4 Extração DNA genômico total do solo

O DNA total do solo de cada uma das quatro áreas de coleta (BITPA, BIADJ, MITPA e MIADJ) foi extraído com 3 repetições para cada profundidade (10 e 20 cm), totalizando 24 amostras, usando-se o Power Soil DNA Isolation Kit (MOBio) de acordo com as instruções do fabricante, brevemente descrito abaixo. Em microtubo de 2 mL contendo micro esferas de vidro foram adicionados 0,25 g de amostras de solo e agitado gentilmente para homogeneizar. Foram adicionados 60 µL de solução C1 e o tubo foi agitado por 10 minutos. Após, as amostras foram centrifugadas a 14.000 rpm por 30 segundos e o sobrenadante foi transferido para um novo tubo. Adicionou-se 250 µL de solução C2, o tubo foi agitado por 5 segundos e incubado a 4°C por 5 minutos. As amostras foram centrifugadas a 14.000 rpm por 1 minuto e o sobrenadante transferido para tubo novo. Foi adicionado 200 µL de solução C3, o tubo foi agitado e incubado a 4°C por 5 minutos. Novamente as amostras foram centrifugadas a 14.000 rpm por 1 minuto e o sobrenadante transferido para tubo novo. Adicionou-se 1200 µL de solução C4 e o tubo foi agitado por 5 segundos. Todo o material foi transferido para uma coluna (com filtro) contendo um tubo coletor e centrifugado a 14.000 rpm por 1 minuto. Essa etapa foi repetida por três vezes. Adicionou-se 500 µL de solução C5 e o tubo foi centrifugado a 14.000 rpm por 30 segundos, descartou-se o sobrenadante e centrifugou-se novamente a 14.000 rpm por 1 minuto. O tubo coletor foi descartado e a coluna transferida para novo tubo. Para eluição do DNA foi adicionado 100 µL de solução C6, centrifugado a 14.000 rpm por 30 segundos e a coluna foi descartada.

Para a quantificação do DNA extraído, uma alíquota de 5 µL de DNA adicionada de 3 µL de tampão de carregamento (0,025% de azul de bromofenol e 50% de glicose) foi analisada através de eletroforese em gel de agarose 1%, contendo brometo de etídio (0,5 µg/mL de gel). Como padrão de tamanho de DNA foi utilizado o marcador molecular 1 kb Plus DNA Ladder™ (Invitrogen Life Technologies, São Paulo, Brasil). O gel foi documentado através do programa “Multi Analyst” do Flúor-S™ Multimager (BioRad, Hercules, California, E.U.A.).

2.2.5 Amplificação do gene 16S rRNA

A reação de amplificação do gene 16S rRNA de Bactéria das amostras de solo foi realizada em solução contendo 2,5 μL de tampão para PCR 10X; 0,2 mM de cada dNTP; 3 mM de MgCl_2 ; 1,5 U de Platinum Taq DNA Polimerase (Invitrogen); 10 ng de DNA; 5 pmol de primer fD1 (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') e rD1 (5'-AAGGAGGTGATCCAGCC-3') (WEISBURG et al., 1991); água Milli-Q esterilizada para um volume final de 25 μL . O DNA de cada área utilizado na reação constitui-se de uma mistura das três repetições, nas duas profundidades. A reação foi feita em termociclador (GeneAMP PCR System 9700 – Applied Biosystems) nas seguintes condições: 94°C por 4 minutos, 25 ciclos com desnaturação a 94°C por 1 minuto, anelamento a 55°C por 30 segundos, extensão a 72°C por 2 minutos e extensão final a 72°C por 10 minutos. Ao final do programa a amostra permaneceu no termociclador a 4°C. O produto amplificado foi verificado em gel de agarose 1%, utilizando como padrão de tamanho de DNA o marcador molecular 1 kb Plus DNA LadderTM (Invitrogen Life Technologies, São Paulo, Brasil). O gel foi documentado através do programa “Multi Analyst” do Flúor-STM Multimager (BioRad, Hercules, California, E.U.A.).

2.2.6 Purificação do produto da PCR

Após a obtenção do produto da PCR foi feita a purificação utilizando Kit GFX PCR DNA and Gel Band Purification (Amersham Biosciences), conforme as instruções do fabricante. Esta purificação foi feita cortando-se as bandas contendo o produto da PCR, com auxílio de bisturi. Em seguida, o cubo de gel contendo a banda foi transferido para microtubo previamente pesado. Para cada 1 mg de cubo de gel foi adicionado 1 μL de tampão captura e incubado a 60°C por 15 minutos. A mistura foi transferida para uma coluna GFX (com filtro) contendo um tubo coletor e centrifugada por 30 segundos a 14.000 rpm. O material que passou pela coluna foi descartado. Na coluna foi adicionado 500 μL de tampão de lavagem e centrifugada por 30 segundos a 14.000 rpm por duas vezes. A coluna foi transferida para um novo microtubo e para eluição do DNA foi adicionado 50 μL de TE (Tris-HCL 1M, EDTA 0,5 M), incubado por 1 minuto a temperatura ambiente e centrifugado por 1 minuto a 14.000 rpm. Cinco microlitros (5 μL) do material purificado foram quantificados em gel de agarose 1%, contendo marcador de peso molecular

pGEM (Applied Biosystems). O gel foi documentado através do programa “Multi Analyst” do Flúor-STM Multimager (BioRad, Hercules, California, E.U.A.). O produto purificado foi armazenado a -20°C até posterior utilização.

2.2.7 Clonagem do produto da PCR

O produto amplificado e purificado da PCR do gene 16S rRNA, dos solos Balbina TPA e adjacente e Mina TPA e adjacentes, foi clonado em vetor pGEM-T Easy, de acordo com as instruções do Kit pGEM-T Easy Vector (Promega). A reação de ligação do produto de PCR purificado ao vetor pGEM –T consistiu-se de: 1 µL de T4 DNA ligase (3U/µL); 5 µL de tampão T4 ligase 1X, aproximadamente 100 ng de produto de PCR purificado e 54 ng de vetor pGEM-T.

Para saber a quantidade necessária em ng do produto de PCR a ser utilizado na clonagem foi realizada a seguinte equação:

$$\frac{\text{ng de vetor} \times \text{tamanho do inserto (kb)}}{\text{tamanho do vetor (kb)}} \times \text{taxa molar inserto:vetor}$$

A taxa molar inserto:vetor utilizada foi de 3:1.

A reação foi incubada a 4°C *overnight* para obter-se uma maior eficiência de ligação.

2.2.8 Preparo de células competentes de *E.colli*

Células competentes de *E.coli* DH5α foram preparadas quimicamente utilizando o método de cloreto de cálcio (SAMBROOK et al., 1989). Células de uma colônia isolada de *E.coli*, crescidas anteriormente em placa de Petri contendo meio Luria Broth – LB (1% de triptona; 0,5% de extrato de levedura; 0,25% de NaCl; 4% de agar), foram inoculadas em 10 mL de meio LB líquido, o qual foi incubado a 37°C por 16 horas, sob agitação constante de 200 rpm (New Brunswick Scientific – C24 Incubator Shaker, Edison NJ, USA). Cem microlitros da cultura crescida foi adicionado a 25 mL de meio LB líquido para reinoculação, mantendo-se o frasco incubado a 37°C por aproximadamente 4 horas, sob agitação constante de 200 rpm, até atingir

uma absorbância de 0,5 a 600 nm. As células foram transferidas para tubo de 50 mL e incubadas no gelo por 10 minutos. O tubo foi centrifugado a 3.500 rpm, por 15 minutos a 15°C. O sobrenadante foi descartado e foi adicionado 1/2 volume de uma solução gelada e esterilizada de CaCl₂/glicerol (50 mM de CaCl₂ e 10% de glicerol). As células foram incubadas no gelo por 15 minutos e centrifugadas a 3.500 rpm, por 15 minutos a 15°C. As células foram gentilmente ressuspensas em 1/5 do volume da solução gelada de CaCl₂/glicerol. Aliquotas de 100 µL foram transferidas para microtubos e armazenadas a -80°C.

2.2.9 Transformação de *E.coli*

A eficiência de transformação das células foi medida usando protocolo de transformação através de choque térmico (SAMBROOK et al., 1989) com plasmídeo comercial de concentração conhecida. A eficiência foi estimada em 10⁸ transformantes por µg de DNA.

O vetor contendo o inserto foi inserido em células competentes de *E.coli* DH5α através de choque térmico (SAMBROOK et al., 1989). O processo de transformação foi feito da seguinte forma: 2 µL do produto de ligação e 50 µL de células competentes foi adicionado em microtubo, misturado gentilmente e incubado no gelo por 30 minutos. Em seguida o microtubo foi incubado a 42°C em banho-maria por 50 segundos e posteriormente incubado, novamente, no gelo por 2 minutos. Foi adicionado 450 µL de meio SOC (SAMBROOK et al., 1989) a temperatura ambiente e incubado em seguida por 2 horas a 37°C sob agitação de 200 rpm.

As células competentes transformadas foram cultivadas em placas de Petri contendo meio LB sólido, acrescido de ampicilina, X-Gal e IPTG (todos em concentração final de 100 µg mL⁻¹). As células foram incubadas em estufa a 37°C por 16 horas, e após este período, as placas foram armazenadas a 4°C para facilitar a visualização e a seleção das colônias azuis/brancas.

2.2.10 Seleção e estoque dos clones

Apenas as colônias brancas, as quais devem conter vetor/inserto, foram selecionadas para a continuação do trabalho. As colônias foram coletadas com auxílio de palitos estéreis e

transferidas para microplaca *Deep - Well* com 96 poços, contendo 1 mL de meio Circle Grow (Bio 101), acrescido com ampicilina ($100 \mu\text{g mL}^{-1}$). A placa foi selada com filme adesivo e cada poço foi perfurado com agulha estéril para a aeração da bactéria. Os clones foram incubados sob agitação orbital (shaker) a 320 rpm, 37°C , por 22 horas.

Após o crescimento, foi transferido $100 \mu\text{L}$ de células para placa estéril contendo $100 \mu\text{L}$ de glicerol 50%. A placa foi selada e as células estocadas a -80°C .

2.2.11 Extração e quantificação do DNA plasmidial

Após a estocagem dos clones, foi feita a extração do DNA plasmidial das culturas (BIRNBOIM; DOLY, 1979), segundo protocolo modificado. A placa foi centrifugada a 4.000 rpm, por 6 minutos, a 20°C . O meio de cultura foi descartado e verificou-se a presença de precipitado. A placa foi mantida invertida sobre papel absorvente por 5 minutos. Em cada cavidade foi adicionado $240 \mu\text{L}$ de solução GTE (Glicose 50 mM; Tris-HCl 25 mM, pH 8,0; EDTA 10 mM, pH 8,0) e agitou-se vigorosamente por 2 minutos. O material foi centrifugado 4.000 rpm, por 6 minutos, a 20°C , o sobrenadante descartado e a placa foi novamente invertida sobre o papel absorvente por 5 minutos. As células foram ressuspensas em $80 \mu\text{L}$ de solução GTE e agitou-se por 2 minutos. Em uma microplaca de fundo U (tipo Elisa) foi adicionado $2,5 \mu\text{L}$ de RNase em cada cavidade ($10 \text{ mg}\cdot\text{mL}^{-1}$) e $60 \mu\text{L}$ de cada suspensão de células. Adicionou-se $60 \mu\text{L}$ de NaOH/SDS (NaOH 0,2 N; SDS 1%), inverteu-se a placa por 10 vezes, incubou-se por 10 minutos, a temperatura ambiente e centrifugou-se a 4.000 rpm, por 30 segundos, a 20°C . Foram adicionados $60 \mu\text{L}$ de acetato de potássio 3M, pH 4,8 gelado (29,44 g de KOAc foram dissolvidos em 60 mL de água e adicionados 11,5 mL de ácido acético glacial; o volume foi completado para 100 mL com água ultrapura Milli-Q autoclavada) e novamente foi feita mistura por inversão. A placa contendo os plasmídeos foi incubada por 10 minutos a temperatura ambiente, centrifugada a 4.000 rpm, por 30 segundos, a 20°C e incubada em estufa a 90°C por exatos 30 minutos. Após esse período as amostras foram colocadas em gelo por 10 minutos e centrifugadas a 4.000 rpm, por 4 minutos, a 20°C . Todo o volume das amostras foi transferido para microplaca com filtro (PVDF – $0.2 \mu\text{m}$ – Millipore) e centrifugado a 4.000 rpm, por 4 minutos, a 20°C . Adicionou-se ao material filtrado $110 \mu\text{L}$ de isopropanol absoluto, a solução foi

misturada por inversão, e o material foi centrifugado a 4.000 rpm, por 45 minutos, a 20°C. Depois de centrifugado o sobrenadante foi descartado e o precipitado foi lavado com 200 µL de etanol 70% gelado, e posteriormente, foi centrifugado a 4.000 rpm, por 5 minutos, a 20°C. O sobrenadante foi descartado e a placa foi centrifugada invertida sobre o papel absorvente a 900 rpm, por 3 minutos, a 20°C. As amostras foram deixadas por 1 hora, a temperatura ambiente para secagem e ressuspendidas em 40 µL de água ultrapura Milli-Q autoclavada. A placa foi incubada por 16 horas a temperatura ambiente, para solubilização do material e armazenada a -20 °C.

Para verificação e quantificação da extração do DNA plasmidial, uma alíquota de 2 µL de DNA adicionada de 3 µL de tampão de carregamento, foi aplicada em gel de agarose 1%. Marcador de peso molecular pGEM (Applied Biosystems) foi aplicado para comparação de intensidade do material. O gel foi documentado através do programa “Multi Analyst” do Flúor-STM Multimager (BioRad, Hercules, California, E.U.A.). O produto purificado foi armazenado a -20°C até posterior utilização.

2.2.12 PCR de inserto

Para confirmação da presença de inserto no vetor foram realizadas reações de PCR de 15 clones de cada amostra de solo (BITPA; BIADJ; MITPA e MIADJ). A reação foi feita da seguinte maneira: 2,5 µL de tampão para PCR 10X; 0,2 mM de cada dNTP; 3 mM de MgCl₂; 1,5 U de Platinum Taq DNA Polimerase (Invitrogen); 10 ng de DNA; 5 pmol de primer fD1 (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') e rD1 (5'-AAGGAGGTGATCCAGCC-3') (WEISBURG et al., 1991); água Milli-Q esterilizada para um volume final de 25 µL. A reação foi feita em termociclador (GeneAMP PCR System 9700 – Applied Biosystems) nas seguintes condições: 94°C por 4 minutos, 25 ciclos com desnaturação a 94°C por 1 minuto, anelamento a 55°C por 30 segundos, extensão a 72°C por 2 minutos e extensão final a 72°C por 10 minutos. Ao final do programa a reação permaneceu no termociclador a 4°C. A reação de PCR foi verificada em gel de agarose 1%, utilizando como padrão de tamanho de DNA o marcador molecular 1 kb Plus DNA LadderTM (Invitrogen Life Technologies, São Paulo, Brasil). O gel foi documentado através do programa “Multi Analyst” do Flúor-STM Multimager (BioRad, Hercules, California, E.U.A.).

2.2.13 PCR de sequenciamento e precipitação

Para cada uma das amostras de solo (BITPA; BIADJ; MITPA e MIADJ) foram seqüenciados 288 clones. A reação foi feita em microplaca de 96 amostras da seguinte maneira: 200 ng de DNA plasmidial; 2 μ L de DYEnamic (DYEnamic ET Terminator Cycle Sequencing Kit, Amersham, Biosciences GE); 1 μ L de primer a 5 pmol fD1 (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3'); 3 μ L de buffer de diluição 2,5X (400 mM Tris-HCl pH 9.0; 10 mM MgCl₂) e água Milli-Q esterilizada para um volume final de 10 μ L. A reação foi feita em termociclador nas seguintes condições: 30 ciclos com desnaturação a 95°C por 20 segundos, anelamento a 55°C por 15 segundos, extensão a 60°C por 60 segundos. Ao final do programa as amostras permaneceram no termociclador a 4°C.

Após a reação, as amostras foram precipitadas para o sequenciamento conforme instrução do fabricante. Adicionou-se 2 μ L de solução acetato de sódio/EDTA e 60 μ L de etanol absoluto. O material foi misturado em vortex e centrifugado a 4000 rpm, por 45 minutos a temperatura ambiente. O sobrenadante foi removido e a placa foi centrifugada invertida, sob papel absorvente, a 900 rpm, por 30 segundos a temperatura ambiente. Adicionou-se 150 μ L de etanol 70% e centrifugou-se a 4000 rpm, por 15 minutos a temperatura ambiente. O sobrenadante foi removido e a placa foi centrifugada invertida, sob papel absorvente, a 900 rpm, por 30 segundos a temperatura ambiente. As amostras foram secas no termociclador a 40°C, por 10 minutos.

As amostras foram ressuspensas em 10 μ L de Hi-Di Formamide (Applied Biosystems) e agitadas em vortex por 10 minutos, temperatura ambiente. O sequenciamento dos clones foi realizado no sequenciador capilar automático modelo ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer – Applied Biosystems/HITACHI.

2.2.14 Análise das seqüências

A verificação das seqüências foi realizada com base nos eletroferogramas gerados pelo software Sequencing Analysis 3.0. Essas seqüências foram editadas pelos programas Phred/Phrap/Consed em sistema operacional Linux (EWING; GREEN, 1998; EWING et al., 1998; GORDON et al., 1998), para remoção de seqüências que apresentaram baixa qualidade. O nível de exigência mínima foi de 400 bases com qualidade Phrap acima de 20 (1 erro a cada 100 bases lidas), para posteriores análises. A análise comparativa das bibliotecas foi realizada através do programa Library Compare do site *Ribosomal Database Project II* (RDP II) versão 9.52 (<http://rdp.cme.msu.edu>). O RDP possui um sistema de classificação taxonômica (RDP Hierarchy) que segue a proposta do Manual Bergeys (GARRITY et al., 2004) no qual os principais níveis taxonômicos são: Domínio, Filo, Classe, Ordem, Família, Gênero e Espécie.

O número de Unidades Taxonômicas Operacionais (UTOs) foi determinado utilizando-se o programa DOTUR (Distance Based OTU and Richness Determination) (SCHLOSS et al., 2005), considerando-se uma distância evolutiva de 0,03 através do algoritmo de *furthest neighbor*. Para tanto, as seqüências foram alinhadas utilizando o programa Clustal X 1.83 (THOMPSON et al., 1997). O alinhamento foi utilizado para se calcular uma matriz de distância evolutiva através do DNADIST, programa do pacote PHYLIP 3.63, usando o algoritmo de Jukes e Cantor.

As estimativas de riqueza (ACE, Chao1, Jackknife, Bootstrap e rarefação) e as medidas de diversidade de UTOs (índices de Shannon e Simpson) foram feitas utilizando o programa EstimateS 8.0 (purl.oclc.org/estimates) e DOTUR. Este último programa foi empregado apenas para o método da rarefação.

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.3.1 Coleta e caracterização dos solos

As amostras de solos Terra Preta Antropogênica e os respectivos solos adjacentes coletados em duas regiões: (a) Amazônia Central – Amazonas, Lagoa Balbina; (b) Amazônia Oriental – Pará, Floresta Nacional de Caxiuanã – sítio arqueológico Mina I foram coletadas em duas profundidades 10 e 20 cm, por normalmente apresentarem maior riqueza de diversidade bacteriana, conforme descrito por Tsai et al. (2003). Após a coleta foram realizadas análises das características químicas das amostras de solos (Tabela 1). Através da análise química as amostras de solos de TPA coletadas na região da Lagoa Balbina e no sítio Mina I apresentaram valores de pH mais elevados quando comparados com solos adjacentes (Tabela 1), confirmando os valores elevados encontrados por Lima et al. (2002) e por Falcão; Borges (2006). Foram observados também altos teores de cálcio e fósforo e baixa saturação por alumínio, conforme descrito anteriormente por KERN; KÄMPF (1989); LEHMANN et al. (2002). Outra característica observada nos solos TPAs foi o alto valor da capacidade de troca catiônica (CTC), quando comparados com os solos adjacentes.

Estas análises químicas confirmaram as características do solo já descritas para a Terra Preta Antropogênica, evidenciando que estes solos possuem elevada fertilidade.

2.3.2 Extração de DNA genômico total do solo

As extrações de DNA genômico total dos solos foram realizadas com três repetições para cada amostra de solo: Terra Preta Antropogênica e os respectivos solos adjacentes da região Amazônia Central – Lagoa Balbina e região Amazônia Oriental – Caxiuanã, utilizando-se o Kit Power Soil DNA Isolation (MOBio). O DNA das amostras de solo foi extraído com sucesso a partir da utilização do Kit, obtendo alta quantidade e ótima qualidade de DNA. A concentração e qualidade foram determinadas em gel de agarose 1%, resultando em uma concentração de aproximadamente 100 ng por microlitro.

2.3.3 Amplificação e purificação do gene 16S rRNA

Os DNAs obtidos foram amplificados por PCR com oligonucleotídeos específicos para o gene 16S rRNA para o Domínio Bacteria fD1 e rD1. Os produtos de PCR amplificados geraram fragmentos de DNA de aproximadamente 1.500 pb. Todas as reações de amplificação geraram produtos de PCR suficiente para a realização da clonagem. Em todas as reações foram feitos controles negativos sem DNA (Figura 9 a). Os produtos amplificados foram purificados através do Kit GFX PCR DNA and Gel Band Purification (Amersham Biosciences). Na Figura 9 b pode-se visualizar os produtos de PCR purificados, em condições ideais para a construção das bibliotecas genômicas.

No presente trabalho, o número de ciclos nas reações de PCR foi diminuído de 30 para 25 ciclos para minimizar a formação de moléculas quimeras, uma vez que é conhecido a formação dessas moléculas em amplificações do gene 16S rRNA quando se utiliza uma mistura de DNA genômico de várias espécies diferentes (WANG; WANG, 1997).

As moléculas quimeras são formadas por seqüências de mais de uma bactéria. Quando as seqüências são comparadas com banco de dados, poderiam ser identificadas como uma espécie nova não classificada, sugerindo a presença de um organismo inexistente. A principal causa da formação de moléculas quimeras é a presença de fitas simples de DNA terminadas prematuramente, especialmente nos ciclos finais da reação da PCR, que reanelam a uma fita de DNA diferente concluindo a amplificação (PAABO et al., 1992). WANG; WANG (1997) realizaram estudos *in vitro* a partir de uma mistura de DNA genômicos de oito diferentes espécies de actinomicetos para minimizar a formação dessas moléculas, mostrando que a taxa de formação de moléculas quimeras foi de 32% para uma reação de PCR com 30 ciclos, caindo para 12% para reação com 25 ciclos.

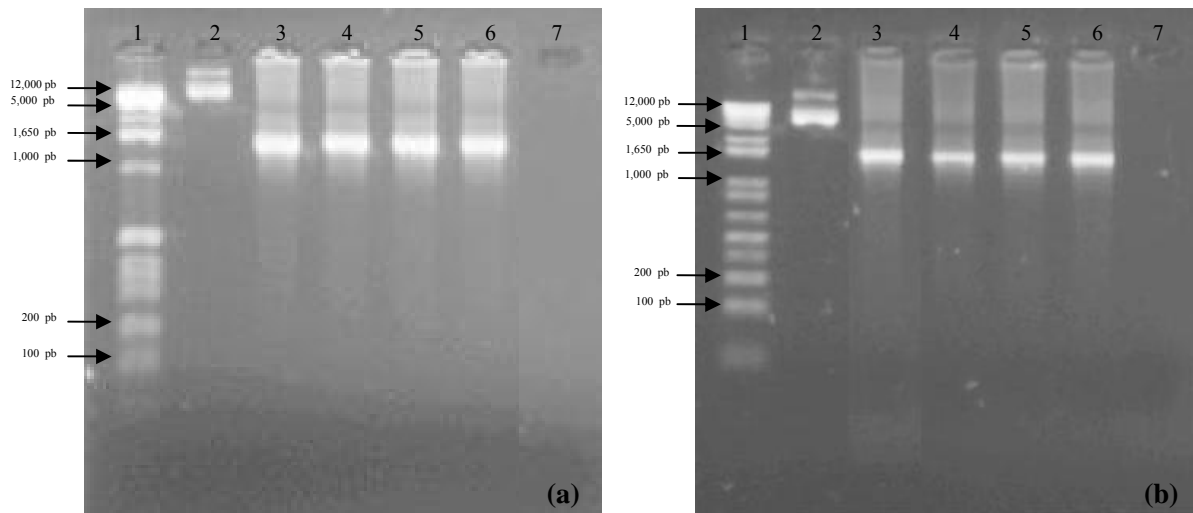


Figura 9 (a) – Resultado da amplificação do gene 16S rRNA. Perfil eletroforético em gel de Agarose 1% contendo Brometo de etídeo. 1 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 2 – Padrão de concentração 200 ng; 3 – solo TPA Lagoa Balbina (BITPA); 4 – solo adjacente Lagoa Balbina (BIADJ); 5 – solo TPA Caxiuanã – Mina I (MITPA); 6 – solo adjacente Caxiuanã – Mina I (MIADJ) e 7 – amostra controle negativo.

Figura 9 (b) – Resultado da purificação do gene 16S rRNA. Perfil eletroforético em gel de Agarose 1% contendo Brometo de etídeo. 1 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 2 – Padrão de concentração 200 ng; 3 solo TPA Lagoa Balbina (BITPA); 4 – solo adjacente Lagoa Balbina (BIADJ); 5 – solo TPA Caxiuanã – Mina I (MITPA); 6 – solo adjacente Caxiuanã – Mina I (MIADJ) e 7 – amostra controle negativo.

2.3.4 Construção da Biblioteca 16S rRNA

Foram construídas quatro bibliotecas a partir dos produtos de PCR, utilizando o vetor pGEM-T, sendo uma biblioteca de solo Terra Preta – Lagoa Balbina (BITPA); uma biblioteca de solo Adjacente – Lagoa Balbina (BIADJ); uma biblioteca da Floresta Nacional de Caxiuanã – Mina I Terra Preta (MITPA) e uma biblioteca da Floresta Nacional de Caxiuanã – Mina I Adjacente (MIADJ). Para cada amostra de solo amplificada com oligonucleotídeos específicos para o gene 16S rRNA – fD1 e rD1 foram selecionados 288 clones transformantes. No total foram selecionados 1152 clones (12 placas de 96 clones) divididos entre as quatro bibliotecas, criando-se uma nomenclatura para organizar e identificar as bibliotecas gênicas. A nomenclatura foi feita através da identificação do local realizado das amostras BI (Lagoa Balbina) e MI (Mina I), do tipo de solo TPA (Terra Preta Antropogênica) e ADJ (Adjacente) e da placa 1 a 3. A nomenclatura dos 96 clones em cada placa foi feita indicando as linhas de A a H e as colunas de 1 a 12. Por exemplo, a amostra BITPA2A01 corresponde ao local BI, solo TPA, placa 2, linha A coluna 01.

Para confirmação da inserção dos fragmentos no vetor de clonagem, foram realizadas reações de PCR utilizando-se oligonucleotídeos específicos para o gene 16S rRNA – fD1 e rD1, como descrito anteriormente, confirmando a presença dos fragmentos nos tamanhos desejados ao redor de 1500 pb. O perfil da amplificação dos fragmentos obtidos indicou que 100% das amostras avaliadas continham o fragmento correspondente ao gene 16S rRNA (Figura 10).

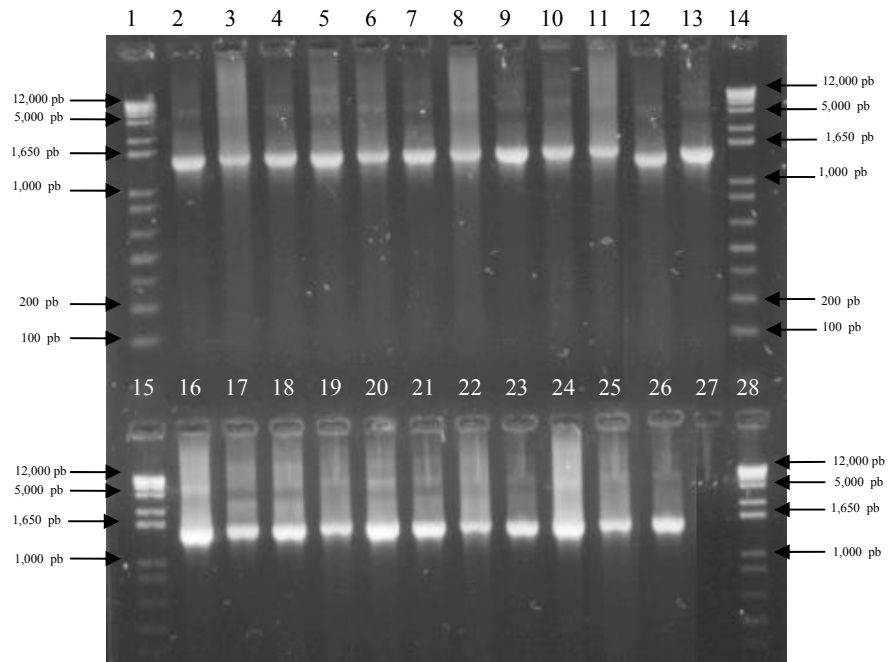


Figura 10 – Reação de PCR para confirmação da inserção dos fragmentos no vetor de clonagem. 1 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 2 a 7 – Clones aleatórios da biblioteca BITPA; 8 a 13 – Clones aleatórios da biblioteca BIADJ; 14 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 15 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen); 16 a 21 – Clones aleatórios da biblioteca MITPA; 22 a 26 clones aleatórios da biblioteca MIADJ; 27 – Amostra controle negativo e 28 – Padrão de tamanho molecular 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen).

2.3.5 Sequenciamento parcial dos clones e análise das seqüências

A extração do DNA plasmidial e a reação de sequenciamento dos clones foram feitas em larga escala, 96 amostras por placa. Um total de 1152 clones de 16S rRNA foram seqüenciados e analisados, sendo 288 pertencentes a cada biblioteca:

- a) solo TPA Lagoa Balbina (BITPA);
- b) solo adjacente Lagoa Balbina (BIADJ);
- c) solo TPA Caxiuanã (MITPA);
- d) solo adjacente Caxiuanã (MIADJ).

Todos os clones foram seqüenciados utilizando o oligonucleotídeo fD1. O sequenciamento parcial é justificado uma vez que o objetivo é avaliar a diversidade e não realizar um estudo evolutivo detalhado.

Após os processos de análises da qualidade das seqüências pelos programas Phred/Phrap/Consed em sistema operacional Linux obteve-se 198, 265, 278 e 239 clones para o estudo de BITPA, BIADJ, MITPA e MIADJ, respectivamente (Tabela 2), resultando em 980 clones. O tamanho médio das seqüências dos clones com qualidade Phred acima de 20 foi de aproximadamente 550 pares de bases em cada biblioteca. O número de Unidades Taxonômicas Operacionais (UTOs) foi determinado utilizando-se o programa DOTUR (Distance Based OTU and Richness Determination) (SCHLOSS et al., 2005), considerando-se uma distância evolutiva de 0,03 através do algoritmo de *furthest neighbor*. O número de UTOs encontradas na biblioteca BITPA foram 119, na biblioteca BIADJ 134, na biblioteca MITPA 147 e na biblioteca MIADJ 141 (Tabela 2). Para tanto, as seqüências foram alinhadas utilizando o programa Clustal X 1.83 (THOMPSON et al., 1997). O alinhamento foi utilizado para se calcular uma matriz de distância evolutiva através do DNADIST, programa do pacote PHYLIP 3.63, usando o algoritmo de Jukes e Cantor.

As seqüências geradas após análise utilizando-se o programa DOUTUR resultaram em um total de 541 seqüências. Elas foram comparadas com outras seqüências previamente depositadas no GenBank do National Center for Biotechnology Information (NCBI), utilizando-se a

ferramenta Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) (ALTSCHUL et al, 1990), visando a identificação das amostras. Os resultados da comparação das seqüências obtidas com a análise do BLAST estão apresentados no Anexo A.

Outro tipo de comparação das seqüências obtidas neste trabalho foi através do banco de dados de seqüências de 16S rRNA do banco de dados do RDP II pelo programa *Library Compare* (Figura 11 e 12) e programa *Classifier* (Anexo B). As 980 seqüências obtidas a partir da análise através dos programas Phred/Phrap/Consed (Tabela 2) foram comparadas utilizando o banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*. A confiabilidade desse programa apresenta os mais altos níveis taxonômicos. Os resultados das comparações obtidos em nível de filo são os mais confiáveis do que aqueles obtidos em qualquer outro nível. Os resultados completos da comparação das seqüências com o programa *Classifier* são apresentados no Anexo B.

As seqüências que obtiveram uma pontuação de confiabilidade baixa são provavelmente seqüências de genes 16S rRNA inéditas e podem indicar a presença de novos organismos nessas amostras de solo que ainda não estão depositadas no bancos de dados. Esses resultados são apresentados no Anexo B. O grande número de seqüências desta natureza encontrado neste estudo ressalta a necessidade dos estudos de diversidade e detecção destes microrganismos.

Tabela 2 – Números totais de clones seqüenciados, válidos e UTOs (Unidades Taxonômicas Operacionais) para análise comparativa com outras seqüências do GeneBank e RDP II.

Amostra Biblioteca	Clones seqüenciados	Clones válidos	Número de UTOs
BITPA	288	198	119
BIADJ	288	265	134
MITPA	288	278	147
MIADJ	288	239	141
Total	1152	980	541

BITPA – solo TPA Lagoa Balnina; BIADJ – solo adjacente Lagoa Balbina; MITPA – solo TPA Caxiuanã – Mina I; MIADJ – solo adjacente Caxiuanã – Mina I.

2.3.6 Análise de diversidade das comunidades bacteriana

Todas as seqüências analisadas pertencem ao Domínio *Bacteria* com 100% de confiança. Em todas as bibliotecas, o maior número de seqüências identificadas foi de microrganismos não-cultiváveis ou não-conhecidos. No entanto, essas seqüências apresentam algum grau de similaridade com seqüências de 16S rRNA de bactérias que estão no banco de dados, porém ainda não foram classificadas. Geralmente essas seqüências provem de análises de amostras ambientais semelhantes as que foram realizadas nesse trabalho. Com isso reforça a idéia de que o mundo microbiano ainda é pouco conhecido (Tabela 3).

Os microrganismos não-conhecidos predominaram em todas as bibliotecas, representando 41,6 % das seqüências de BITPA (Figura 11 – A), 68,3 % das seqüências de BIADJ (Figura 11 – B), 84,8% das seqüências de MITPA (Figura 12 – A) e 47,7 % das seqüências de MIADJ (Figura 12 – B). Em MITPA, esta distribuição mostrou evidências de diferenças de diversidade bacteriana entre os solos, havendo maior número de microrganismos desconhecidos/não cultiváveis em solo de Terra Preta Antropogênica quando comparados com solos adjacentes. Este resultado corrobora com os resultados obtidos por TSAI et al. (2003) e KIM et al. (2007) em outros solos de TPA.

O domínio *Bacteria*, é composto de 23 filos determinados com base nas seqüências do 16S rRNA. Alguns destes filos consistem em uma única ou algumas poucas espécies enquanto outros filos como: *Proteobacteria*, *Firmicutes* e *Actinobacteria* incluem milhares de espécies as quais correspondem a 90-95% de todas as espécies de bactérias conhecidas (NUNES, 2006).

Dentro do domínio *Bacteria*, o filo mais predominante na biblioteca BITPA foi *Firmicutes*, representando aproximadamente 37,1% do total de seqüências analisadas (Figura 11 A). Já na biblioteca BIADJ o filo mais predominante foi *Proteobacteria*, representando aproximadamente 15,1% do total de seqüências analisadas (Figura 11 B). Os resultados da biblioteca MITPA apresentaram predominância do filo *Proteobacteria*, representando 6,5% das seqüências analisadas (Figura 12 A) e na biblioteca MIADJ o filo *Acidobacteria*, representando 27,2% das seqüências analisadas (Figura 12 B).

Na biblioteca BITPA os demais filios em destaque foram *Proteobacteria* representando uma freqüência de 9,6%, *Verrucomicrobia* 5,6%, *Acidobacteria* 2,5%, *Gemmatimonadetes* 2,5%, *Actinobacteria* 0,5% e *Nitrospira* 0,5% (Figura 11 – A). Por outro lado, na biblioteca BIADJ destacaram-se os filios *Acidobacteria* 12,5%, *Firmicutes* 2,3%, *Nitrospira* 1,1% e *Verrucomicrobia* 0,8% (Figura 11 – B). Na biblioteca MITPA os filios apresentados foram *Acidobacteria* 4,7%, *Firmicutes* 1,4%, *Nitrospira* 1,1%, *Planctomycetes* 1,1% e *Verrucomicrobia* 0,4% (Figura 12 – A). Contudo, na biblioteca MIADJ verificou-se a presença dos filios *Proteobacteria* 14,2%, *Firmicutes* 3,8%, *Verrucomicrobia* 3,8%, *Nitrospira* 1,3%, *Planctomycetes* 1,3%, *Actinobacteria* 0,4% e *Gemmatimonadetes* 0,4% (Figura 12 – B).

Tabela 3 – Filios bacterianos encontrados em solos da região Amazônica Central e Oriental comparadas com o banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II através do programa *Library Compare* e números de clones representantes em cada filo encontrados em cada biblioteca.

FILO	BITPA	BIADJ	MITPA	MIADJ	TOTAL
<i>Acidobacteria</i>	5	33	13	65	116
<i>Actinobacteria</i>	1	-	-	1	2
<i>Firmicutes</i>	73	6	4	9	92
<i>Gemmatimonadetes</i>	5	-	-	1	6
<i>Incertae sedis*</i>	1	-	1	-	2
<i>Nitrospira</i>	1	3	3	3	10
<i>Planctomycetes</i>	-	-	3	3	6
<i>Proteobacteria</i>	19	40	18	34	111
<i>Verrucomicrobia</i>	11	2	1	9	23
Não Classificadas	82	181	235	114	612
Total	198	265	278	239	980

BITPA – solo TPA Lagoa Balnina; BIADJ – solo adjacente Lagoa Balnina; MITPA – solo TPA Caxiuanã – Mina I; MIADJ – solo adjacente Caxiuanã – Mina I; * *Genera insertae sedis* inclui membros do candidate a filo WS3 e OP10; (-) clone não encontrado.

Comparando-se as seqüências obtidas de amostras solo TPA e solo adjacente da região da Amazônia Central – Lagoa da Balbina, observou-se no solo TPA maior riqueza bacteriana quando comparado com solo adjacente. Nas amostras de solos TPA foram detectados 7 filos enquanto que em solo adjacente foram detectados 5 filos. Os dois filos presentes em TPA e ausentes em solo adjacente foram *Actinobacteria* e *Gemmatimonadetes* (Figura 11 – A e B).

No caso das bibliotecas de solos da Amazônia Oriental, Floresta Nacional de Caxiuanã – sítio arqueológico Mina I, observou-se o oposto da riqueza bacteriana de solos da Lagoa Balbina. Neste caso, observou-se maior riqueza bacteriana em solo adjacente quando comparada com o solo TPA. Nas amostras de solo adjacente foram detectados 8 filos enquanto que em solo TPA foram detectados 6 filos. Os dois filos presentes em solo adjacente, porém, ausentes em TPA foram *Actinobacteria* e *Gemmatimonadetes* (Figura 12 – A e B).

Representantes do filo *Gemmatimonadetes* não foram encontrados nos estudos realizados por Kim et al. (2007), em solos de Terra Preta e solos de floresta Amazônica. No entanto, no presente trabalho obtivemos seqüências deste filo tanto em Terra Preta (BITPA) quanto em solo adjacente (MIADJ).

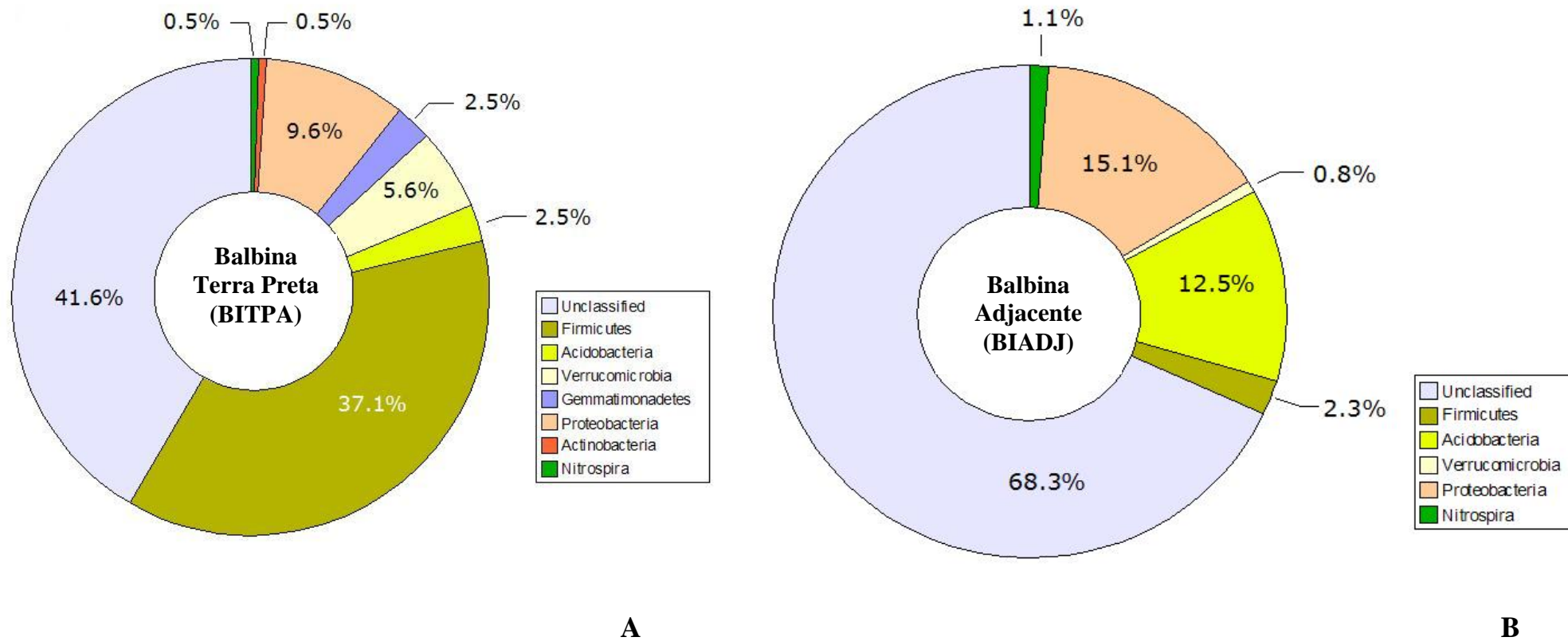


Figura 11 – Diversidade bacteriana encontrada nos solos TPA e adjacentes (Lagoa Balbina) nos clones 16S rRNA com base na afiliação filogenética do RDP II pelo programa *Library Compare*.

A – Solo Terra Preta Antropogênica – região da Amazônia Central, Lagoa da Balbina;

B – Solo adjacente – região da Amazônia Central, Lagoa da Balbina.

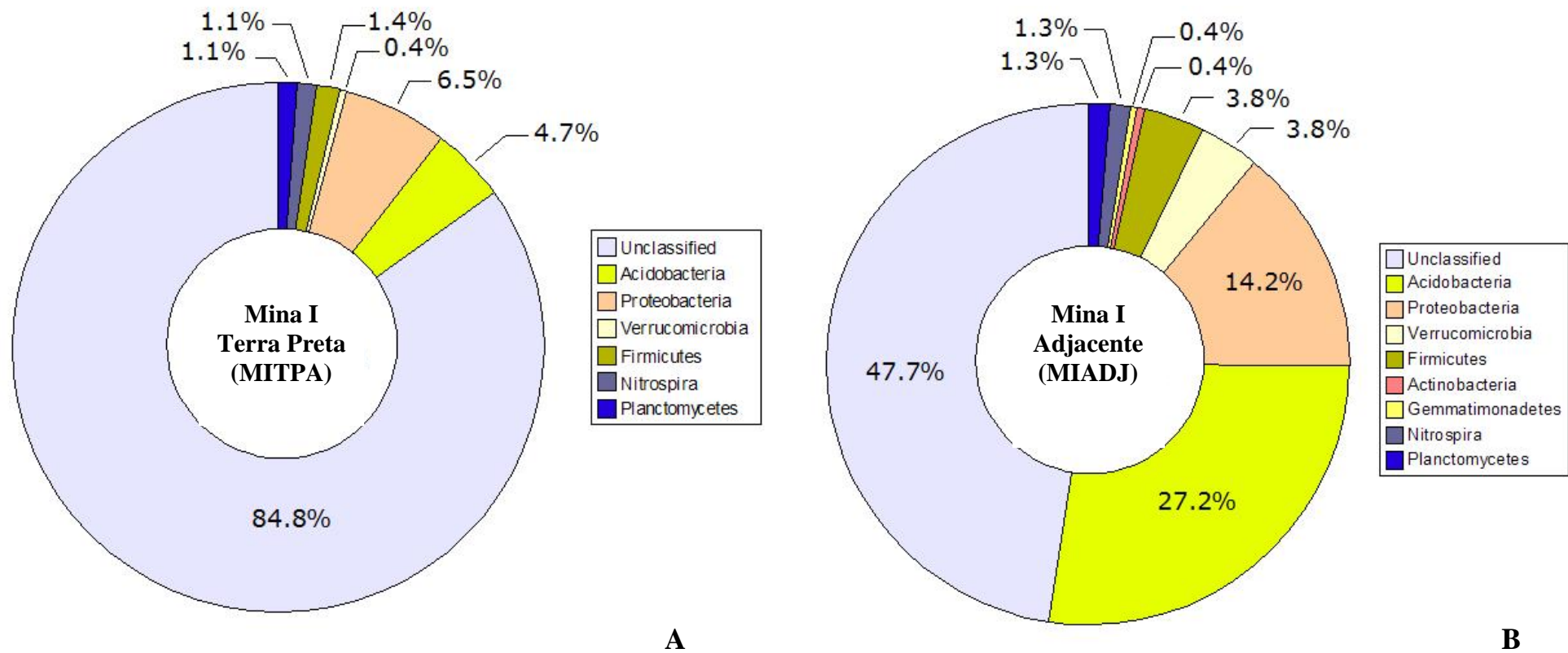


Figura 12 – Diversidade bacteriana encontrada nos solos TPA e adjacentes (Caxiuana – Mina I) nos clones 16S rRNA com base na afiliação filogenética do RDP II pelo programa *Library Compare*.

A – Solo Terra Preta Antropogênica – região da Amazônia Oriental, Floresta Nacional de Caxiuanã, Sítio Mina I;

B – Solo adjacente – região da Amazônia Oriental, Floresta Nacional de Caxiuanã, Sítio Mina I.

Embora ainda pouco conhecido, o filo *Acidobacteria* vem sendo encontrado em análises do gene 16S rRNA de amostras ambientais marinhas, terrestres, animais, aerossóis e fontes termais (BARNES et al., 2007). A maioria das seqüências dos organismos que compõe este filo *Acidobacteria* tem origem de amostras ambientais amplamente distribuídas pelo planeta. Os estudos realizados com organismos deste filo sugerem que estes microrganismos são componentes ecológicos significativos em diversos ecossistemas, particularmente em comunidades de solo (HUNGENHOLTZ et al, 1998; DUNBAR et al., 2002). HIRASHI et al., (1995) através de análises do gene 16S rRNA propuseram que este agrupamento fosse denominado *Acidobacteria*, possuindo atualmente apenas 3 representantes cultiváveis: *Acidobacterium capsulatum*, *Holophaga foetida* e *Geotrix fermentans*. *A. capsulatum* foi o primeiro representante desse filo, sendo um organismo heterotrófico, aeróbico e moderadamente acidofílico (HIRASHI et al., 1995). *H. foetida* é um organismo anaeróbico que fermentam compostos aromáticos (LIESACK et al., 1994). *G. fermentans* um organismo anaeróbico que fermentam compostos de acetato (LONERGAN et al., 1996). Seqüências do gene 16S rRNA desse grupo de bactérias foram encontradas em várias localidades do mundo como por exemplo na Ásia (MITSUI et al., 1997), na Austrália (LIESACK; STACKEBRANDT, 1992), em ambas as Américas (BORNEMAN et al., 1996; BORNEMAN; TRIPLETT, 1997) e na Europa (FELSKE et al., 1998; HACKL et a., 2004). Bactérias deste filo devem ter importância ecológica significativa, pois são encontradas em abundância nos mais diversos tipos de solo. Neste trabalho, vinte nove seqüências do filo *Acidobacteria*, (3 de BITPA, 7 de BIADJ, 12 de MITPA e 7 de MIADJ) apresentaram identidade com amostras de sedimentos contaminados com urânio (BARNES et al., 2007).

O filo *Acidobacteria* indicou presença em todas as bibliotecas realizadas neste trabalho, porém, foi dominante com 12,5% e 27,2% das seqüências em amostras de solos adjacentes, BIADJ e MIADJ respectivamente, quando comparadas com amostras de solos Terra Preta Antropogênica. Dados apresentados na análise química dos solos, observamos que solos adjacentes apresentam pH ácido de 3,7 na amostra BIADJ e 4,0 na amostra MIADJ (Tabela 1). Essa característica justifica a predominância do filo *Acidobacteria* nos solos estudados. Kim et al. (2007) observaram a predominância do filo *Acidobacteria* em 50% das seqüências de amostras de solo da floresta amazônica, enquanto que em solos de Terra Preta foram encontradas 30% das seqüências pertencentes a este filo.

O filo *Proteobacteria* constitui-se o maior e mais diverso grupo de bactérias cultivadas, apresentando grande diversidade de morfologia e metabolismo. Possui cinco subdivisões: *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Deltaproteobacteria*, *Epsilonproteobacteria* e *Gammaproteobacteria*. Um dos papéis desempenhados por esse grupo está na participação ativa no ciclo do nitrogênio. A dominância de *Proteobacteria* ocorre geralmente em solos de cultivo (NUSSLEIN; TIEDJE, 1999) e contaminados com metais pesados (SANDAA et al., 2001) que geralmente apresentam um pH mais elevado em relação ao solo de floresta. A presença deste filo foi observada em todas as bibliotecas realizadas neste trabalho. Pela análise comparativa das seqüências obtidas através do programa RPD o filo *Proteobacteria* foi constituído por 111 seqüências dentre as bibliotecas BITPA, BIADJ, MITPA e MIADJ, representando freqüência de 9,6%, 15,1%, 6,5% e 14,2% respectivamente. Os dados apresentados neste trabalho estão de acordo com KIM et al. (2007), demonstrando a freqüência do filo *Proteobacteria* mais elevada em solo adjacente do que em TPA. No presente trabalho, foram identificadas seqüências da subdivisão *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Deltaproteobacteria* e *Gammaproteobacteria*, com exceção apenas do filo *Epsilonproteobacteria*.

Para avaliar a relação entre a abundância dos grupos microbianos e as condições de fertilidade do solo, Smit et al. (2001) compararam seus resultados com dados de seqüências do 16S rRNA da literatura. Os resultados mostraram que em solos com alto teor de nutrientes, como matéria orgânica, há uma seleção positiva de bactérias das divisões *Alpha* e *Gammaproteobacteria*, bactérias que apresentam altas taxas de crescimento. No entanto, nos solos com baixo teor de nutrientes a porcentagem de *Acidobacterium* foi mais alta, apresentando bactérias com baixo potencial de crescimento. Através desses resultados Smit et al. (2001), sugeriram que a razão entre *Proteobacteria* e *Acidobacteria* serve como um indicativo da condição nutricional do solo. Nas bibliotecas dos dois solos de TPA deste trabalho, encontramos uma razão positiva entre *Proteobacteria* e *Acidobacteria*.

Determinou-se também o filo *Firmicutes*, descrito como bactéria gram-positiva aeróbica e anaeróbica e com baixo teor de G+C. Organismos deste filo apresentam metabolismo caracterizado por homo e heterofermentação e respiração. Organismos pertencentes a este filo como os gêneros *Bacillus* e *Clostridium* são bactérias formadoras de esporos e frequentemente

encontrados em solo (CANHOS; VAZOLLER, 1997). Representantes deste filo, como as bactérias do gênero *Bacillus* e *Clostridium* utilizam como estratégia de sobrevivência um crescimento rápido quando há nutrientes em quantidades necessárias. Somente prevalecem em condições com grande quantidade de nutrientes disponíveis em áreas com baixa competição, geralmente são encontrados em ambientes instáveis que estejam passando por transições (ATLAS; BARTHA, 1997). Representantes do filo *Firmicutes* foram detectados em todas as amostras de solos Terra Preta e respectivos solos adjacentes. Sendo o maior filo, representando 37,1% das seqüências (Figura 11 A), encontrado na biblioteca de solo Terra Preta da região Lagoa Balbina (BITPA).

O filo *Nitrospira* representa um grupo de bactérias aeróbicas gram-negativas atuantes no ciclo de nitrogênio em ambientes aquáticos através da oxidação do nitrato, porém, indivíduos desse grupo têm sido encontrados em amostras de solos (GU et al., 2004; DUNBAR et al., 1999). Acredita-se que a atividade deste filo em ambientes aquáticos possa ter atividades semelhantes em amostras de solo (FAORO, 2006). Representantes do filo *Nitrospira* foram detectados em amostras de solos Terra Preta e respectivos solos adjacentes.

Organismos do filo *Verrucomicrobia* são bactérias gram-negativas sensíveis a penicilina (HEDLUND et al., 1997). Representantes deste filo foram relatados em ambiente marinho e amostras de solo (HUGENHOLTZ et al., 1998). Organismos deste filo foram encontrados em amostras de solos de Terra Preta e solos adjacentes. Kim et al. (2007) encontraram bactérias desconhecidas ou não-cultiváveis do filo *Verrucomicrobia* em amostras de solo Terra Preta e em solo de floresta. Representantes deste filo também foram encontradas em solos de pastagem e sob floresta na Amazônia (BORNEMAN; TRIPLETT, 1997).

O filo *Actinobacteria* é representado por bactérias gram-positivas e com alto teor de G+C (GAO; GUPTA, 2005). As *Actinobacteria* estão distribuídas em ecossistemas aquáticos e terrestres (CHUN et al., 2000) e possuem importante função na decomposição da matéria orgânica e formação de húmus (GOODFELLOW; WILLIAMS, 1983), portanto, são fundamentais para o melhoramento do solo. Bactérias deste filo possuem importante papel na produção de diversos antibióticos. Representantes deste filo foram encontrados em amostras de solo de Terra Preta da

região Lagoa Balbina (Figura 11 A) e em solos adjacentes da região de Caxiuanã (Figura 12 B). Bactérias deste filo também foram encontradas em amostras de solos de Terra Preta e solos de floresta por KIM et al. (2007).

O filo *Gemmatimonadetes* possui apenas uma espécie isolada (*Gemmatimonas aurantiaca*), bactéria gram-negativa, aeróbia e mesofílica encontrada em lamas de um sistema de tratamento de esgoto (ZHANG et al., 2003). Ocorre em diversos ambientes como lodos industriais, sedimentos marinhos e solos (NUNES, 2006). Neste trabalho foram encontrados representantes deste filo em amostras de solos de Terra Preta Lagoa Balbina (Figura 11 A), Terra Preta Caxiuanã (Figura 12 A) e solo adjacente Caxiuanã (figura 12 B). Apenas não foi detectado na amostra de solo adjacente Lagoa Balbina. Representantes deste filo não foram encontrados em estudos de diversidade bacteriana em solo Terra Preta e solo de floresta (Kim et al., 2007).

Foram encontrados em solos de Terra Preta tanto da região na Lagoa Balbina como em Caxiuanã, dois clones que não apresentaram similaridade com nenhuma espécie conhecida de seqüências depositadas no banco de dados do RDP II através do programa *Library Compare* (Tabela 3). No entanto esses clones apresentaram similaridade com amostras ambientais “*insertae sedis*”, termo usado para definir um grupo taxonômico desconhecido ou indefinido. O clone BITPA3G08, solo Terra Preta Lagoa Balbina, quando comparado com o banco de dados do RDP II *Classifier* apresentou similaridade com o filo candidato *Genera insertae sedis OP10* (Anexo B), composto por bactérias termofílicas, descrito por Hungenholtz (1998). Esse mesmo clone quando comparado com o banco de dados do NCBI apresentou 92% identidade com uma amostra de comunidade microbiana de solos da Califórnia (Anexo A). Enquanto, o clone MITPA1E08, solo Terra Preta Caxiuanã, quando comparado com banco de dados do RDP II *Classifier* apresentou similaridade com o candidato a filo *Genera insertae sedis WS3* (Anexo B). Esse mesmo clone quando comparado com banco de dados do NCBI apresentou 97% de identidade com amostra de comunidade microbiana de caverna vulcânica do Hawai.

2.3.7 Estimativa de riqueza e índice de diversidade

A estimativa o valor máximo de UTOs em um nível filogenético pode ser feita utilizando-se métodos estatísticos capazes de extrapolar a relação de UTOs em função do número de seqüências a partir da curva de rarefação ou de métodos não-paramétricos. Neste trabalho a riqueza de filotipos foi verificada por meio do método de rarefação ao nível de 97% de similaridade e pelos métodos não-paramétricos de estimativa *ACE* e *CHAO1*. As curvas de rarefação resultantes foram ascendentes para todas as bibliotecas, não atingindo o platô (Figura 13 e 14). Esses resultados indicam que o número de seqüências 16S rRNA não amostrou completamente a riqueza de filotipos das comunidades bacterianas. No entanto, tais curvas revelaram uma diferença sutil da riqueza de filotipos entre as comunidades bacterianas diferenciando-as claramente a partir de 150 seqüências avaliadas, de modo que as bibliotecas BIADJ e MITPA revelaram maior riqueza de UTOs quando comparadas com as bibliotecas BITPA e MIADJ, respectivamente.

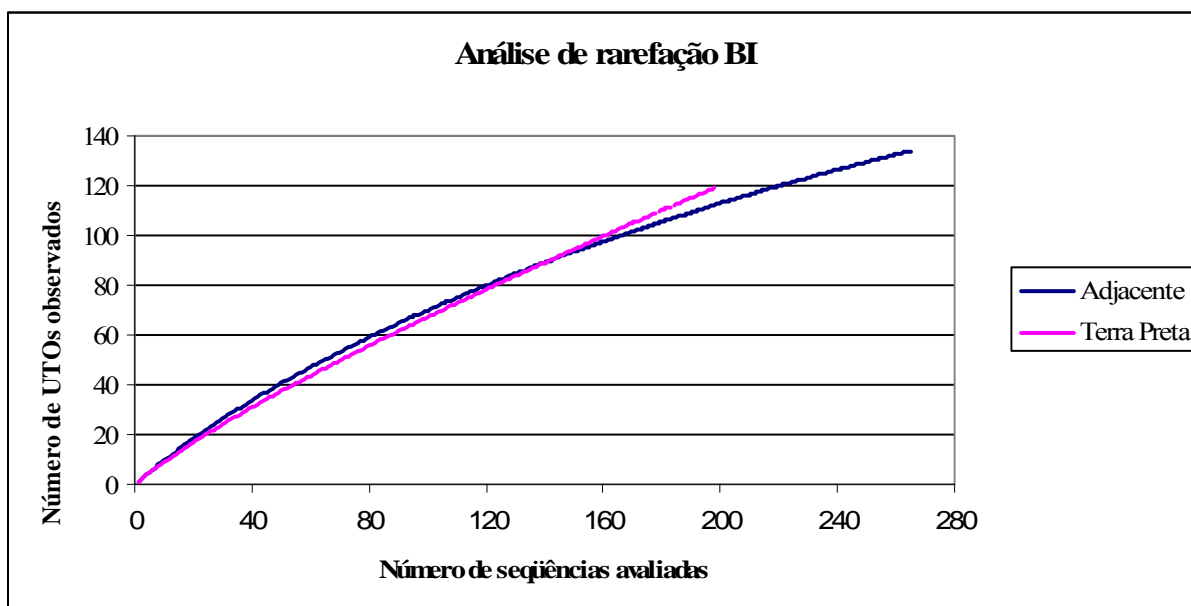


Figura 13 – Curva de rarefação gerada do gene 16S rRNA das bibliotecas de clones de solo Terra Preta Antropogênica e solo Adjacente – região Lagoa Balbina (Amazonas).

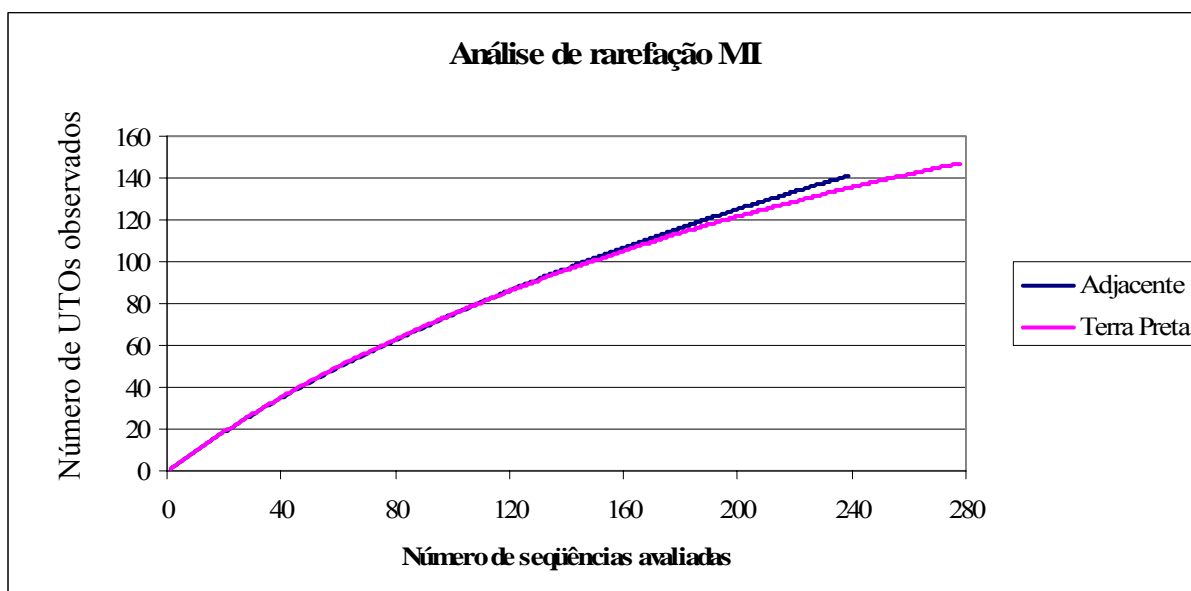


Figura 14 – Curva de rarefação gerada do gene 16S rRNA das bibliotecas de clones de solo Terra Preta Antropogênica e solo Adjacente – região Floresta Nacional de Caxiuanã (Pará).

Tabela 4 – Estimativas de riqueza de UTOs (Unidades Taxonômicas Operacionais) e índices de diversidade calculados a partir das bibliotecas de 16S rRNA de bactérias de solo Terra Preta Antropogênica e solo adjacente.

Bibliotecas	NS	NU	Estimativas de riqueza de UTOs				Índices de diversidade	
			<i>ACE</i>	<i>Chao1</i>	<i>Jackknife</i>	<i>Bootstrap</i>	<i>Simpson</i>	<i>Shannon</i>
BITPA	198	119	629,4	429,4	436,2	156,5	0,0259	4,286
BIADJ	265	134	284,1	237,6	284,5	167,3	0,0102	4,608
MITPA	278	147	252,8	224,0	233,1	182,1	0,0070	4,783
MIADJ	239	141	373,7	291,7	324,5	179,8	0,0082	4,705

BITPA – solo TPA Lagoa Balnina; BIADJ – solo adjacente Lagoa Balbina; MITPA – solo TPA Caxiuanã – Mina I; MIADJ – solo adjacente Caxiuanã – Mina I; NS: número de seqüências; NU: número de UTOs (Unidades Taxonômicas Operacionais).

Os valores obtidos com o índice de diversidade de *Simpson* revelaram maior diversidade de UTOs nas bibliotecas BIADJ e MITPA se comparado com os valores obtidos para as bibliotecas BITPA e MIADJ, respectivamente (Tabela 4). A mesma relação de diversidade de UTOs foi estabelecida entre as bibliotecas com os valores obtidos pelo índice de diversidade de *Shannon*. Os valores obtidos através do índice de diversidade de *Simpson* e *Shannon* na biblioteca do solo TPA de Caxiuanã – Mina I, corroboram com o trabalho realizado por Kim et al. (2007), que encontraram maior índice de diversidade *Simpson* (0,015) e *Shannon* (5,2) em solos de TPA quando comparados com solo de floresta: *Simpson* 0,34 e *Shannon* 4,37.

A estimativa da riqueza de UTOs feita pelo *Bootstrap* corrobora diretamente os valores de diversidade obtidos pelos índices de *Simpson* e *Shannon* (Tabela 4). A justificativa para tal relação encontra-se no fato deste estimador basear-se em sub amostragens do conjunto de UTOs utilizado para o cálculo destas medidas de diversidade, bem como na consideração da riqueza de UTOs como um componente da diversidade das bibliotecas. O estimador *Jackknife* de riqueza de UTOs revelou interpretação inversa à propiciada pelo *Bootstrap* (Tabela 4). Uma explicação para este resultado encontra-se no uso de UTOs únicas presentes nas bibliotecas para o cálculo da estimativa de riqueza pelo *Jackknife*. Uma maior probabilidade de ocorrência de UTOs únicas empregadas pelo estimador *Jackknife* é revelada pela maior frequência de menores valores percentuais de filotipos nas bibliotecas BITPA e MIADJ (Figura 11 – A e 12 – B) se comparadas às bibliotecas BIADJ e MITPA, respectivamente. Kim et al. (2007) encontraram maior riqueza de UTOs em TPA quando comparados com solo de floresta.

Os valores obtidos com os métodos não-paramétricos *ACE* e *Chao1* para a estimativa da riqueza de UTOs corroboram os valores obtidos com o estimador *Jackknife* (Tabela 4).

3 CONCLUSÕES

- Com a construção de bibliotecas de clones do gene 16S rRNA a partir dos quatros solos e posterior análise comparativa das seqüências usando o programa RDP II, determinou-se a estrutura das comunidades bacterianas prevalentes nos solos, que possibilitou a identificação dos filos predominantes, sendo que os microrganismos desconhecidos ou não cultivados representaram 41,6 % das seqüências de TPA-Balbina e 68,3 % do seu solo adjacente e 84,8% das seqüências de TPA-Caxiuanã e 47,7 % do seu solo adjacente;
- O filo mais predominante nos TPA-Balbina foi *Firmicutes*, representando 37,1% dos clones analisados. Por outro lado, nos clones analisados no solo adjacente destacaram-se os filos *Proteobacteria* 15,1% e *Acidobacteria* 12,5%. Em TPA-Caxiuanã, o filo *Proteobacteria* também foi o mais representativo (6,5%). Na biblioteca do solo adjacente a TPA-Caxiuanã, o filo predominante foi *Acidobacteria* 27,2% seguido de *Proteobacteria* 14,2%.
- O pH pode ser um dos atributos do solo que pode ter influência direta na diversidade bacteriana dos solos estudados, assim como pode ter efeito uma floresta natural sobre as populações microbianas em seu solo, fato observado na adjacência do solo Terra Preta em Caxiuanã – PA;
- A estimativa da riqueza de UTOs pelo Bootstrap corrobora diretamente os valores de diversidade obtidos pelos índices de *Simpson* e *Shannon*. De um modo geral, uma maior probabilidade de ocorrência de UTOs únicas empregadas pelo estimador *Jackknife* se correlacionou com uma maior freqüência de baixos percentuais de filotipos nas bibliotecas. Os valores obtidos com os métodos não-paramétricos *ACE* e *Chao1* para a estimativa da riqueza de UTOs corroboram com os valores obtidos com o estimador *Jackknife*;
- Nossos resultados visaram contribuir com o conhecimento sobre a diversidade microbiana em solos de Terra Preta, para a compreensão das funções exercidas pelas comunidades

microbianas no solo e o conhecimento das suas interações com outros componentes da biodiversidade, além de benefícios econômicos e estratégicos, como a descoberta de microrganismos potencialmente exploráveis nos processos biotecnológicos. Um desafio é a compreensão da relação entre a composição, abundância e diversidade dos organismos do solo, com a sustentabilidade da fertilidade do solo e a produção agrícola, e os efeitos ambientais, como emissão de gases de efeito estufa e sequestro do carbono.

REFERÊNCIAS

- ALTSCHUL, S.F.; GISH, W.; MILLER, W.; MYERS, E.W.; LIPMAN, D.J. Basic local alignment search tool. **Journal of Molecular Biology**, Amsterdam, v. 215, p. 403-410, 1990.
- AMANN, R.I.; LUDWING, W. Ribosomal RNA-Targeted nucleic acid probes for studies in microbial ecology. **Microbiology Reviews**, New York, v. 24, p. 555-565, 2000.
- AMANN, R.I.; LUDWIG, W.; SCHNEIDER, K.H. Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation. **Microbiological Reviews**, New York, v. 59, p. 143-169, 1995.
- ATLAS, R.M.; BARTHA, R. Microbial evolution and biodiversity: the origins of life. In: ATLAS, R.M.; BARTHA, R. (Ed.). **Microbial ecology: fundamentals and applications**. 4th.ed. Menlo Park: Book News, 1997. p. 37-39.
- BAENA, A.R.C.; FALESI, I.C. **Avaliação do potencial químico e físico dos solos sob diversos sistemas de uso da terra em Santarém, Estado do Pará**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2001. 32p. (Embrapa Amazônia Oriental. Boletim de Pesquisa, 33)
- BARNS, S.M.; CAIN, E.C.; SOMMERVILLE, L.; KUSKE, C.R. Acidobacteria phylum sequences in uranium-contaminated subsurface sediments greatly expand the know diversity within the phylum. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 73, n. 9, p. 3113-3116, 2007.
- BIRNBOIM, H.C.; DOLY, J. A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 7, p. 1513-1522, 1979.
- BOHANNAN, B.J.M.; HUGHES, J. New approaches to analyzing microbial biodiversity data. **Current Opinion in Microbiology**, London, v. 6, p. 282-287, 2003.
- BORNEMAN, J.; TRIPLETT, E.W. Molecular microbial diversity in soils from eastern amazonia: evidence for unusual microorganisms and microbial population shifts associated with deforestation. **Applied Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 63, n.7, p. 2647-2653, 1997.
- BORNEMAN, J.; SKROCH, P.W.; O'SULLIVAN, K.M.; PALUS, J.A.; RUMJANEK, N.G.; JANSEN, J.L.; NIENHUIS J.; TRIPLETT, E.W. Molecular microbial diversity of an agricultural soil in Wisconsin. **Applied Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 62, n. 6, p. 1935-1945, 1996.
- BRENT, E.; PHILL, G. Base-calling of automated sequencer traces using PHRED. II. Error probabilities processes by ¹³C-labelling of biomarkers. **Nature**, London, v. 392, p. 801-805, 1998.
- CHAN, O.C.; YANG, X.; FU, Y.; FENG, Z.; SHA, L.; CASPER, P.; ZOU, X. 16SrRNA gene analyses of bacterial community structures in the soils of evergreen broad-leaved forests in south-west China. **FEMS Microbiol Ecology**, Amsterdam, v. 58, p. 247-259, 2006.

CHAO, A.; SHEN, T.J.; HWANG, W. Application of laplace's boundary-mode approximations to estimate species and shared species richness. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, Melbourne, v. 48, n. 2, p. 117-128, 2006.

COLE, J.R.; CHAI, B.; FARRIS, R.J.; WANG, Q.; KULAM, S.A.; McGARRELL, D.M.; GARRITY, G.M.; TIEDJE, J.M. The Ribosomal Database Project (RDP-II): sequences and tools for high-throughput rRNA analysis. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 33, p. 294-296, 2005.

COURTOIS, S.; CAPPELLANO, C.M.; BALL, M.; FRANCOU, F.X.; NORMAND, P.; HELYNCK, G.; MARTINEZ, A.; KOLVEK, S.J.; HOPKE, J.; OSBURNE, M.S.; AUGUST, P.R.; GUERINEAU, M.; JEANNIN, P.; SIMONET, P.; PERNODET, J.L. Recombinant environmental libraries provide access to microbial diversity for drug discovery from natural products. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 69, n. 1, p. 49-55, 2003.

COUTINHO, H.L.C.; OLIVEIRA, V.M. de; MANFIO, G.P.; ROSADO, A.S. Evaluating the microbial diversity of soil samples: methodological innovation. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, Rio de Janeiro, v. 71, n. 3, p. 491-503, 1999.

CURY, J.C. **Diversidade de Bacteria e Archaea em solos de mangue e marisma**. 2006. 147 p. Tese (Doutorado em Solos e Nutrição de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

DUNBAR, J.; BARNS, S.M.; TICKNOR, L.O.; KUSKE, C.R. Empirical and theoretical bacterial diversity in four Arizona soils. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 68, n. 6, p. 3035-3045, 2002.

ERICKSON, C. Historical ecology and future explorations. In: LEHMAM, J.; KERN, D.C.; GLASER, B.; WOODS, W.I. (Ed.). **Amazonian dark earths: origin, properties & management**. Dordrecht: Kluwer Academic, 2003. p. 455-500.

EWING, B.; GREEN, P. Base-calling of automated sequencer traces using Phred. II errorprobabilities. **Genome Research**, Woodbury, v. 8, p. 186-194, 1998.

EWING, B.; HIJJER, L.; WENDL, M.C.; GREEN, P. Base-calling of automated sequencer traces using Phred. I. Accuracy assessment. **Genome Research**, Woodbury, v. 8, p. 175-185, 1998.

FALCÃO, N.P.S.; BORGES, L.F. Efeito da fertilidade de terra preta de índio da Amazônia Central no estado nutricional e na produtividade do mamão hawaí (*Carica papaya L.*). **Acta Amazônica**, Manaus, v. 36, n. 3, p. 401-406, 2006.

FALESI, I.C. O estado atual dos conhecimentos sobre os solos da Amazônia brasileira. In: INSTITUTO DE PESQUISA AGROPECUÁRIA DO NORTE. **Zoneamento agrícola da Amazônia: 1ª aproximação**. Belém, 1972. p. 17-67. (IPEAN. Boletim Técnico, 54).

FELSKE, A.; WOLTERINK, A.; LIS, R.V.; AKKERMANS, A.D.L. Phylogeny of the main bacterial 16s rna sequences in drentse a grassland soils (The Netherlands). **Applied Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 64, n. 3, p. 871-879, 1998.

FARIAS, N.A.F.; OLIVEIRA, L.A. Uso de microorganismos solubilizadores de fosfatos em pupunheira num latossolo da região amazônica. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE MICROBIOLOGIA DO SOLO, 3., 1994, Londrina. **Anais... 3. Simpósio Brasileiro sobre Microbiologia do solo e da 6. Reunião de laboratório para recomendação de stirpes de rizobio e bradrizobio, Londrina, 1994.**

GARRITY, G.M.; BELL, J.A.; LILBURUN, T.G. Taxonomic outline of prokaryotes. In: **Bergey's manual of systematic bacteriology**. 2nd ed. Release 5.0. New York: Springer, 2004. <http://dx.doi.org/10.1007/bergeysoutline>

GASTON, K.J. Species richness: measure and measurement. In: GASTON, K.J. (Ed.). **Biodiversity: a biology of numbers and difference**. Cambridge: Blackwell, 1996. p. 77-113.

GLASER, B.; GUGGENBERGER, G.; HAUMAIER, L.; ZECH, W. Persistence of soil organic matter in Archaeological soils (terra preta) of the Brazilian Amazon region. In: REES, R.M.; BALL, B.C.; CAMPBELL, C.D.; WATSON, C.A. (Ed.), **Sustainable management of soil organic matter**. Wallingford: CABI Publ., 2001. p. 190-194.

GOMEZ-ALVAREZ, V.; KING, G. M.; NUSSELEIN, K. Comparative bacterial diversity in recent Hawaiian volcanic deposits of different ages. **FEMS Microbiology Ecology**, Oxford, v. 60, p. 60-73, 2007.

GORDON, D.; ABAJIAN, C.; GREEN, P. Consed: a geographical tool for sequence finishing. **Genome Research**, Woodbury, v. 8, p. 195-202, 1998.

HACKL, E.; ZECHMEISTER-BOLTENSTERN, S.; BODROSSY, L.; SESSITSCH, A. Comparison of diversities and compositions of bacterial populations inhabiting natural forest soils. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 70, n. 9, p. 5057-5065, 2004.

HANDELSMAN, J. Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, Washington, v. 68, n. 4, p. 669-685, 2004.

HEAD, I.M.; SAUNDERS, J.R.; PICKUP, J. Microbial evolution, diversity and ecology: a decade of ribosomal rRNA analysis of uncultivated organisms. **Microbial Ecology**, New York, v. 35, p. 1-21, 1998.

HERBERT, R. A. Methods for enumerating microorganisms and determining biomass in natural environments. In: NORRIS, J.R.; GRIGOROVA, R. (Ed.). **Methods in microbiology: techniques in microbial ecology**. San Diego: Academic Press, 1990. p. 1-40.

HIRASHI, A.; KISHIMOTO, N.; KOSAKO, Y.; WAKAO, N.; TANO, T. Phylogenetic position of the menaquinone-containing acidophilic chemoorganotroph *Acidobacterium capsulatum*. **FEMS Microbiology Letters**, Amsterdam, v. 132, p. 91-94, 1995.

<http://www.personal.psu.edu/.../image002.png>. Acesso em: 20 de agosto 2007.

HUNGENHOLTZ, P.; GOEBEL, B.M.; PACE, N.R. Impact of culture-independent studies on the emerging phylogenetic view of bacterial diversity. **Journal of Bacteriology**, Washington, v. 180, p. 4765-4774, 1998.

JOHNSON, M.J.; LEE, K.Y.; SCOW, K.M. DNA fingerprint reveals links among agricultural crops, soil properties, and the composition of soil microbial communities. **Geoderma**, Amsterdam, v. 114, n. 3/4, p. 279-303, 2003.

KERN, D.C. **Caracterização de solos com Terra Preta Arqueológica na região de Oriximiná, Pará**. 1988. 232 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 1988.

KERN, D.C.; COSTA, M.L. **Os solos antrópicos**. In: LISBOA, P.L.B. (Org.). **Caxiuanã**. Belém: Museu Paraense Emílio Goeldi, 1997. p. 105-119.

KERN, D.C.; KÄMPF, N. Antigos assentamentos indígenas na formação de solos com Terra Preta Arqueológica na região de Oriximiná, Pará. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Campinas, v. 13, p. 219-225, 1989.

KENNEDY, A.C. Bacterial diversity in agroecosystems. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, Amsterdam, v. 74, p. 65-76, 1999.

KIM, J.S.; SPAROVEK, G.; LONGO, R.M.; De MELO, W.J.; CROWLEY, D. Bacteria diversity of terra preta and pristine forest soil from the western Amazon. **Soil Biology and Biochemistry**, Oxford, v. 39, p. 684-690, 2007.

KREBS, C.J. **Ecological methodology**. 2nd ed. New York: Addison Wesley Longman, 1998. 620 p.

KURTBOKE, D. I.; SWINGS, J.; STORMS, V. **Microbial genetic resources and biodiscovery**. United Kingdom, WFCC Publ., 2004. 400 p.

LAMBAIS, M.R.; CROWLEY, D.E.; CURY, J.; BULL, R.C. RODRIGUES, R.R. Bacterial diversity in tree canopies of the Atlantic forest. **Science**, Washington, v. 312, p. 1917, 2006.

LAMBAIS, M.R.; CURY, J.C.; MALUCHE-BARETTA, C.; BULL, R.C. Diversidade microbiana nos solos: definindo novos paradigmas. In: VIDAL-TORRADO, P.; ALLEONI, L.R.F.; COOPER, M.; SILVA, A.P.; CARDOSO, E.J. (Ed.). **Tópicos em ciência do solo**. Viçosa: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 2005. v. 4, p. 43-84.

LANE, D.J.; STAHL, D.A.; OLSEN, G.J.; HELLER, D.J.; PACE, N.R. Phylogenetic analysis of the genera *Thiobacillus* and *Thiomicrospira* by 5S rRNA sequences. **Journal of Bacteriology**, Washington, v. 163, n. 1, p. 75-81, 1985.

LEHMANN, J.; SILVA, C. J.P. da; STEINER, C.; NEHLS, T.; ZECH, W.; GLASER, B. Nutrient availability and leaching in an archaeological Anthrosol and a Ferralsol of the Central Amazon basin: fertilizer, manure and charcoal amendments. **Plant and Soil**, Netherlands, v. 249, p. 343-357, 2002.

LEWINSOHN, T.M.; PRADO, P.I. Estimativas de biodiversidade brasileira. In: LEWINSOHN, T.M.; PRADO, P.I.R. (Ed.). **Biodiversidade brasileira: síntese do estado atual do conhecimento**, São Paulo: Contexto, 2002. p. 91.

LIESACK, W.; STACKEBRANDT, E. Occurrence of novel groups of the domain Bacteria as revealed by analysis of genetic material isolated from Australian terrestrial environment. **Journal of Bacteriology**, Washington, v. 174, n. 15, p. 5072-5078, 1992.

LIESACK, W.; BAK, F.; KREFT, J.U.; STACKEBRANDT, E. *Holophaga foetida* gen. nov., sp. nov., a new homoacetogenic bacterium degrading methoxylated aromatic compounds. **Archives of Microbiology**, Germany, v. 162, n. 1/2, p. 85-90, 1994.

LIMA, H.N.; SHAEFER, C.E.R.; MELLO, J.W.V.; GILKES, R.J.; KER, J.C. Pedogenesis and pre-Colombian land use of "Terra Preta Anthrosolos" ("Indian black earth") of Westerns Amazonia. **Geoderma**, Netherlands, v. 110, p. 1-17, 2002.

LONERGAN, D.J.; JENTER, H.L.; COATES, J.D.; PHILLIPS, E.J.; SCHMIDT, T.M.; LOVLEY, D.R. Phylogenetic analysis of dissimilatory Fe (III)-reducing bacteria. **Journal of Bacteriology**, Washington, v. 178, n. 8, p. 2402-2408, 1996.

MACNEIL, I.A.; TIONG, C.L.; MINOR, C.; AUGUST, P.R.; GROSSMAN, T.H.; LOIACONO, K.A.; LYNCH, B.A.; PHILLIPS, T.; NARULA, S.; SUNDARAMOORTHY, R.; TYLER, A.; ALDREDGE, T.; LONG, H.; GILMAN, M.; HOLT, D.; OSBURNE, M.S. Expression and isolation of antimicrobial small molecules from soil DNA libraries. **Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology**, Switzerland, v. 3, p. 301-308, 2001.

MADARI, B.; BENITES, V.M.; CUNHA, T.J.F. The effect of management on the fertility of Amazonian anthropogenic dark earth soils: a review. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON TERRA PRETA SOILS, 1., 2002, Manaus. **Abstracts ...** Manaus, 2002. p. 29.

McCAIG, A.E.; GLOVER, L.A.; PROSSER, J.I. Molecular analysis of bacterial community structure and diversity in unimproved and improved upland grass pastures. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 65, n. 4, p. 1721-1730, 1999.

MITSUI, H.; GORLACH, K.; LEE, H.J.; HATTORI, R.; HATTORI, T. Incubation time and media requirements of culturable bacteria from different phylogenetic groups. **Journal of Microbiological Methods**, Netherlands, v. 30, n. 2, p. 103-110, 1997.

MOREIRA, F.M.S.; SIQUEIRA, J.O. **Microbiologia e bioquímica do solo**. Lavras: UFLA, 2002. 626 p.

NUBEL, U.; GARCIA-PICHEL, F.; KUHL, M.; MUYZER, G. Quantifying microbial diversity: morphotypes, 16S rRNA genes, and carotenoids of oxygenic phototrophs in microbial mats. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 65, p. 422-443, 1999.

NUNES, G.L. **Diversidade e estrutura de comunidades de Bacteria e Archaea em solo de mangue contaminado com hidrocarbonetos do petróleo**. 2006. 84 p. Dissertação (Mestrado em Microbiologia Agrícola) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

NÜSSLEIN, K.; TIEDJE, J.M. Soil bacterial community shift correlated with change from forest to pasture vegetation in a tropical soil. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 65, n. 8, p. 3622-3626, 1999.

O'NEILL, B.; GROSSMAN, J.; TSAI, S.M.; GOMES, J.E.; GARCIA, C.E.; SOLOMON, D.; LIANG, B.; LEHMANN, J.; THIES, J. Isolating unique bacteria from terra preta systems: using culturing and molecular tools for characterizing microbial life in terra preta. In: WORLD CONGRESS OF SOIL SCIENCE IN PHILADELPHIA, 2006, Philadelphia. Philadelphia: Word Union of Soil Sciences, 2006, p. 105.

PAABO, S.; IRWIN, D.M.; WILSON, A.C. DNA damage promotes jumping between templates during enzymatic amplification. **Journal of Biological Chemistry**, Baltimore, v. 265, p. 4718-4721, 1992.

PACE, N.R. A molecular view of microbial diversity and the biosphere. **Science**, Washington, v. 276, p. 734-740, 1997.

RANJARD, L.; POLY, F.; NAZARET, S. Monitoring complex bacterial communities using culture-independent molecular techniques: application to soil environment. **Research in Microbiology**, France, v. 51, n. 3, p. 167-177, 2000.

REIS JR., F.B.; MENDES, I.C.; TEIXEIRA, K.R.S.; REIS, V.M. **Uso de ferramentas moleculares em estudos da diversidade de microrganismos do solo**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2003. 26 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 51).

RONDON, M.R.; GOODMAN, R.M.; HANDELSMAN, J. The Earth's bounty: assessing and accessing soil microbial diversity. **Trends in Biotechnology**, Amsterdam, v. 17, p. 403-409, 1999.

ROSSELÓ-MORA, R.; AMANN, R. The species concept for prokaryotes. **FEMS Microbiology Review**, Amsterdam, v. 25, n. 1, p. 39-67, 2001.

SAIKI, R.K.; SCARF, F.; FALOONA, F.A.; MULLIS, K.B.; HORN, G.T.; ERLICH, H.A.; ARNHEIM, N. Enzymatic amplification of B-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, Washington DC, v. 230, p. 1350-1354, 1985.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E.F.; MANIATIS, T. **Molecular cloning**: a laboratory manual. 2nd ed. Cold Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989. 999 p.

SANDAA, R.A.; TORSVIK V.; ENGER O. Influence of long-term heavy-metal contamination on microbial communities in soil. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 33, n. 3, p. 287-295, 2001.

SCHLOSS, P.D.; HANDELSMAN, J. Introducing to DOTUR, a computer program for defining operational taxonomic units and estimating species richness. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 71, p. 1501-1506, 2005.

SILVEIRA, I.M.; KERN, D.C.; QUARESMA, H.D.A.B. Reconstruindo uma ocupação. In: LISBOA, P.L.B. **Caxiuanã populações tradicionais, meio físico e diversidade biológica**. Belém: Museu Paraense Emílio Goeldi, 2002. p. 59-76.

SHANNON, C.E.; WEANER, W. **The mathematical theory of communication**. Urbana: University Illinois Press, 1949. 117 p.

SHEN, T.J.; CHAO, A.; LIN, C.F. Predicting the number of new species in further taxonomic sampling. **Ecology**, Ithaca, v. 84, n. 3, p. 798-804, 2003.

SIMPSON, E. H. Measurement of diversity. **Nature**, London, v. 163, p. 688, 1949.

SOMBROEK, W.; RUIVO, M.L.; FEARNSIDE, P.M.; GLASER, B.; LEHMANN, J. Amazonian dark earths as carbon stores and sinks. In: LEHMANN, J.; KERN, D.C.; GLASER, B.; WOODS, W.I. (Ed.). **Amazonian dark earths: origin, properties & management**. Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 2003. p. 125-139.

SOMBROEK, W. G. Amazon soils: **A Reconnaissance of the Soils of the Brazilian Amazon Region**. Wageningen, Center for Agricultural Publications and Documentation. 1966. 292 p.

SMITH, N. J. H. Anthrosols and human carrying capacity in Amazonia. **Annals of the Association of American Geographers**, v. 70, p. 553-566, 1980.

STACH, J. E. M.; MALDONADO, L. A.; MASSON, D. G.; WARD, A. C.; GOODFELLOW, M.; BULL, A. T. Statistical approaches for estimating actinobacterial diversity in marine sediments. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, p. 6189-6200, 2003.

THIES, J.; SUZUKI, K. Amazonian dark earths biological measurements. In: LEHMANN, J.; KERN, D.C.; GLASER, B.; WOODS, W.I. (Ed.). **Amazonian dark earths: origin, properties & management**. Dordrecht: Kluwer Academic, 2003. p. 1-45.

THOMPSON, J.D.; GIBSON, T.J.; PLEWNIAK, F.; JEANMOUGIN, F.; HIGGINS, D.G. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 25, p. 4876-4882, 1997.

TIEDJE, J.M.; CHO, J.C.; MURRAY, A.; TREVES, D.; XIA, B.; AHOU, J. Soil teeming with life: new frontiers for soil science. In: REES, R.M.; BALL, B.C.; CAMPEBELL, C.D.; WATSON, C.A. (Org.). **Sustainable management of soil organic matter**. Wallingford: CAB International, 2001. p. 393-412.

TORSVIK, V.; GOKSOYR, J.; DAEE, F. L. High diversity in DNA of soil bacteria. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, DC, v.56, p. 782-787, 1990.

TSAI, S.M.; CANNAVAN, F.S.; SILVA Jr., J.P.; CHAVES, M.G.; PASSIANOTO, C.C.; BORGES, C.P. Diversidade bacteriana em terra preta de índio baseada em seqüenciamento do gene 16S rRNA. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA DO SOLO, 29; 2003, Ribeirão Preto. **Resumos ... Ribeirão Preto: SBCS, 2003. 1 CD-ROM**.

VIEIRA, L.S.; SANTOS, P.C.T.C. **Amazônia: seus solos e outros recursos naturais**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1987. 416 p.

WANG, G.C.Y.; WANG, Y. Frequency of formation of chimeric molecules as a consequence of PCR co-amplification of 16S rRNA genes from different bacterial species. **Applied and Environmental Microbiology**, Baltimore, v. 63, n. 12, p. 4645-4650, 1997.

WEISBURG, W.G.; BARNS, S.M.; PELLETIER, D.A.; LANE, D.J. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. **Journal of Bacteriology**, Washington, v. 173, p. 697-703, 1991.

WHITMAN, W.B.; COLEMAN, D.C; WIEBE, W.J. Prokaryotes: the unseen majority. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, v. 95, p. 6578-6583, 1998.

WOESE, C.R. Bacterial evolution. **Microbiology Reviews**, New York, v. 51, n. 2, p. 221-271, 1987.

WOODSON, S.A.; LEONTIS, N.B. Structure and dynamics of ribosomal RNA. **Current Opinion in Structural Biology**, London, v. 8, n. 3, p. 294-300, 1998.

ANEXOS

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
01-BITPA1A07	93	EF073454	554	3e-144	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WB1S3_G08	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA-Jangid,K. et al., 2006
02-BITPA1H05	98	DQ129235	439	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST03_H03G	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
03-BITPA2B02	95	EF075739	541	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WDOW1_E02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
04-BITPA3D10	98	EF516749	592	0.0	Uncultured bacterium clone FCPS394	Comunidade microbiana solo – Califórnia-Cruz,K. et al., 2007
05-BITPA2E01	98	EF516715	602	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT492	Comunidade microbiana solo – Califórnia-Cruz,K. et al., 2007
06-BITPA1A01	98	EF516825	534	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN424	Comunidade microbiana solo – Califórnia-Cruz,K. et al., 2007
07-BITPA2D03	91	AY963331	478	0.0	Uncultured bacterium clone AH38	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
08-BITPA3C06	97	EF018507	554	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1143	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
09-BITPA1F09	98	DQ128664	451	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT21_H02	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
10-BITPA1C12	90	EF073768	479	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB1W3_D05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
11-BITPA1E07	95	AY694648	624	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone JAB SMS 53	Comunidades bacterianas em solos-Val-Moraes,S.P. et al., 2005
12-BITPA1E02	98	AY326536	552	0.0	Uncultured soil bacterium clone 1091-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
13-BITPA3F09	98	EF073039	543	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WA2W3_G07	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
14-BITPA3D05	98	AY326533	520	0.0	Uncultured soil bacterium clone 1267-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
15-BITPA3E02	97	DQ129139	498	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST01_C03	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
16-BITPA3H08	98	EF455194	639	0.0	Uncultured soil bacterium clone C53-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
17-BITPA3H11	97	AY963438	645	0.0	Uncultured bacterium clone AS78	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
18-BITPA3A08	98	EF073011	642	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WA2W3_E01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
19-BITPA3E06	96	DQ664148	582	0.0	Uncultured bacterium clone 9S56	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
20-BITPA3H05	97	DQ664148	512	0.0	Uncultured bacterium clone 9S56	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
21-BITPA3D03	97	DQ664148	508	0.0	Uncultured bacterium clone 9S56	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
22-BITPA1F02	98	EF457377	474	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGA.0006	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
23-BITPA3E01	99	AY694576	460	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone JAB SMS 16	Comunidades bacterianas em solos-Val-Moraes,S.P. et al., 2005
24-BITPA3A04	93	EF457307	555	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone T10.0031	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
25-BITPA3C08	93	AB254785	534	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Comunidade bacteriana em sedimentos redutores-Yoshida,H. et al., 2007
26-BITPA3G02	94	AB254785	557	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Comunidade bacteriana em sedimentos redutores-Yoshida,H. et al., 2007
27-BITPA1C10	98	EF073347	425	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WB1S1_F01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
28-BITPA3C07	97	EF072701	574	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WA2S3_H04	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
29-BITPA1B07	98	EF455380	510	0.0	Uncultured soil bacterium clone E54-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
30-BITPA2A07	95	CP000284	459	0.0	Methylobacillus flagellatus KT, complete genome	Complete sequence of Methylobacillus flagellatus KT-Copeland,A. et al., 2006
31-BITPA3B06	94	EF019260	586	0.0	Uncultured Nitrosomonadaceae bacterium clone Elev_16S_442	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
32-BITPA3G01	96	AB252910	663	0.0	Uncultured beta proteobacterium clone: 015	Identificação bacteriana Japão – Sakurai,K. et al., 2006
33-BITPA1E04	94	EF590055	583	0.0	Uncultured bacterium clone A25	Diversidade bacteriana em sedimentos contaminados com nitrobenzeno – Li,D. et al., 2007
34-BITPA2B04	96	AY989412	552	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A2E06	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
35-BITPA3D04	98	AB240235	606	0.0	Uncultured bacterium clone: BS038	Diversidade bacteriana de rizosfera – Nakamura,Y. et al., 2005
36-BITPA3G11	99	AM696997	537	0.0	Uncultured bacterium isolate BF0001B023	Diversidade bacteriana – Rintala,H. et al., 2007
37-BITPA2G02	97	EF018459	582	0.0	Uncultured Phyllobacteriaceae bacterium clone Amb_16S_1085	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
38-BITPA2A09	99	DQ643756	505	0.0	Uncultured soil bacterium clone W4Ba96	Diversidade microbiana de solo – Lueders,T. et al., 2006
39-BITPA2G01	97	DQ129016	478	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB OF53_D09RU	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
40-BITPA1F04	97	EF075811	467	0.0	Uncultured Rhodoplanes sp. clone GASP-WDOW2_F11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
41-BITPA1E01	99	DQ128941	473	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB OF23_H08	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
42-BITPA1A08	99	AY326628	632	0.0	Uncultured soil bacterium clone 307-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
43-BITPA1A09	97	AB089250	468	0.0	Paenibacillus sp. M-2b	Rizosfera de espinafre - Hosoda,A. et al., 2004
44-BITPA1G07	94	AB249949	416	2e-179	Streptacidiphilus neutrinimicus strain: NBRC 100921	Análise filogenética de Streptomices-Tamura,T. et al., 2006
45-BITPA1D04	97	AB245375	509	0.0	Bacillales bacterium Gsoil 1105	Diversidade bacteriana de solos – Im,W. and Lee,S., 2006
46-BITPA1B01	99	AB190067	468	0.0	Bacillus sp. N-31-25-5	Comunidade microbiana de solo – Takaku,H. et al.,2007

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Fitotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
47-BITPA1C07	98	AY930449	426	0.0	Uncultured bacterium clone OC19	Comunidade bacteriana – solo arroz-Ka,J.-O. et al., 2006
48-BITPA2D09	99	AY326628	400	0.0	Uncultured soil bacterium clone 307-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
49-BITPA3A10	97	AY607169	579	0.0	Uncultured Bacilli bacterium clone X9Ba25	Diversidade microbiana de solo – Lueders,T. et al., 2004
50-BITPA3F11	98	AY389851	601	0.0	Uncultured bacterium clone NBFF469	Amostras ambientais do Parque Nacional de Yellowstone-Botero,L.M. and McDermott,T.R.,2005
51-BITPA3D08	97	AY360596	624	0.0	Uncultured Bacilli bacterium clone M10Ba04	Diversidade microbiana de solo – Lueders,T. et al., 2004
52-BITPA3A05	99	DQ275176	608	0.0	Bacillus drentensis strain WNS75	Bacillus Endospores isolado do granito-Fajardo-Cavazos,P. and Nicholson,W., 2006
53-BITPA1C04	97	AY360639	604	0.0	Uncultured Bacilli bacterium clone M10Ba51	Diversidade microbiana de solo – Lueders,T. et al., 2004
54-BITPA1H08	97	DQ839176	539	0.0	Uncultured Bacillus sp. clone LOTc	Diversidade bacteriana de solo – Fru,E.C. et al., 2007
55-BITPA1C09	98	DQ248043	532	0.0	Bacillus sp. L105	Diversidade bacteriana - Kartchner Caverns, Arizona-Ikner,L.A. et al., 2007
56-BITPA3A07	98	DQ248043	588	0.0	Bacillus sp. L105	Diversidade bacteriana - Kartchner Caverns, Arizona-Ikner,L.A. et al., 2007
57-BITPA1G10	99	EF178451	486	0.0	Bacillus sp. 1Re28	Solo – Yang,J.H. and Guo,J.H., 2007
58-BITPA3C12	95	AM159318	663	0.0	Uncultured Bacillaceae bacterium, clone LrhB07	Comunidade bacteriana de solo de arroz – Lu,Y. et al., 2006
59-BITPA3A11	97	EF455181	576	0.0	Uncultured soil bacterium clone C40-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregard,G. et al., 2007
60-BITPA3B10	99	AB271135	502	0.0	Bacillus funiculus strain: MX12-2	Identificação bacteriana de solos – Kinagam,S. et al., 2006
61-BITPA2B03	98	DQ288678	495	0.0	Bacillus sp. GPTSA 27T	Solo – Saha,P. and Chakrabarti,T., 2005
62-BITPA1D08	96	AM162306	626	0.0	Paenibacillus sp. 4GH18-10	Solos Coreia – Weon,H.-Y. and Kwon,S.-W., 2005
63-BITPA1G02	97	AY326632	534	0.0	Uncultured soil bacterium clone 43-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
64-BITPA3C04	99	AJ251193	541	0.0	Paenibacillus sp. TRO4 isolate TRO4 (=LMG19081)	Isolados de plantas e solos-Berge,O. et al., 2002
65-BITPA1D10	93	DQ830599	605	0.0	Uncultured bacterium clone PAS3_A11	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
66-BITPA2A03	88	EF074330	519	3e-178	Uncultured Bacillus sp. clone GASP-WB2W3_F04	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
67-BITPA1A04	98	AY963450	469	3e-153	Uncultured bacterium clone BS12	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
68-BITPA1F05	87	AJ229195	542	4e-177	Unidentified eubacterium from anoxic bulk soil (clone BSV39)	Diversidade bacteriana de solo de cultura de arroz-Hengstmann,U. et al., 1999
69-BITPA2C02	95	DQ129042	520	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT SM01_C05	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
70-BITPA3G10	98	AY177762	392	0.0	Uncultured Gram-positive bacterium isolate 5G03	Diversidade bacteriana solos Califórnia-LaMontagne,M.G. et al., 2003
71-BITPA2C03	88	AF432698	432	5e-142	Uncultured bacterium clone SMS9.97WL	Diversidade bacteriana solos de floresta da Colômbia-Axelrood,P.E. et al., 2004
72-BITPA1A03	93	AY242744	581	0.0	Uncultured soil bacterium clone Tc119-C02	Solo contaminado com metal pesado-Gremion,F. et al., 2003
73-BITPA1E12	98	EF455149	483	0.0	Uncultured soil bacterium clone C08-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregard,G. et al., 2007
74-BITPA1C05	91	EF019330	556	0.0	Uncultured proteobacterium clone Elev_16S_539	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
75-BITPA1B03	98	DQ451477	437	0.0	Uncultured Nitrospirae bacterium clone FAC38	Comunidade bacteriana solo de Taiwan-Tsai,S.-H. et al., 2006
76-BITPA2C01	91	X83407	447	2e-170	AIRNA16S A.ilicis	Isolado de Arthrobacter -Koch,C. et al., 1995
77-BITPA1B05	97	EF018668	506	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_955	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
78-BITPA2G03	96	EF516723	433	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP515	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
79-BITPA3B03	96	AY326539	553	0.0	Uncultured soil bacterium clone 869-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
80-BITPA3G12	96	DQ451443	529	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone FAC4	Comunidade bacteriana solo de Taiwan-Tsai,S.H. et al., 2006
81-BITPA3E04	96	EF018530	547	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone Amb_16S_790	Diversidade bacteriana solo – Aspen - Lesaulnier,C.C. et al., 2007
82-BITPA3F05	98	EF073942	600	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB2S2_C02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
83-BITPA3H01	97	EF516553	680	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP631	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
84-BITPA3D12	96	EF072588	669	0.0	Uncultured proteobacterium clone GASP-WA2S1_F03	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
85-BITPA3F06	96	EF073584	566	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB1W1_D05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
86-BITPA3G09	98	DQ128789	545	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT53_B09	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
87-BITPA1E05	85	AY221042	503	5e-147	Uncultured bacterium clone CCM11b	Bactérias da caverna Mammoth – Fowler,R. et al., 2003
88-BITPA3F08	92	DQ129135	460	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST01_B02	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
89-BITPA1G01	93	DQ083296	374	4e-158	Uncultured bacterium clone EC1091	Acidobacteria - Sait,M. et al., 2006
90-BITPA2E03	94	DQ830033	504	0.0	Uncultured bacterium clone CON1_F09	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
91-BITPA3B01	92	DQ830033	500	0.0	Uncultured bacterium clone CON1_F09	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
92-BITPA2B11	94	EF075298	447	0.0	Uncultured proteobacterium clone GASP-WC2W2_F12	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
93-BITPA3H03	97	AB240310	555	0.0	Uncultured bacterium clone: RB127	Diversidade bacteriana de rizosfera – Nakamura,Y. et al., 2005
94-BITPA2A02	96	DQ830224	510	0.0	Uncultured bacterium clone CON3_G09	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Fitotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
95-BITPA3A01	98	EF515913	613	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP604	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
96-BITPA3B04	96	EF457455	503	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone R3.0071	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
97-BITPA3H09	95	EF018729	511	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1184	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
98-BITPA1B09	94	DQ830283	520	0.0	Uncultured bacterium clone CON1_E01	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
99-BITPA2E04	98	DQ129007	459	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB OF53_A12RU	Diversidade bacteriana em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
100-BITPA2B10	96	EF494348	463	0.0	Uncultured bacterium clone NR.087	Diversidade microbiana de solo – Macalady,J.L. et al., 2007
101-BITPA3H02	95	EF516621	637	0.0	Uncultured bacterium clone FCPU392	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
102-BITPA2E10	98	DQ129134	523	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST01_B01	Diversidade bacteriana em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
103-BITPA2D02	97	EF516880	622	0.0	Uncultured bacterium clone FCPS485	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
104-BITPA3D02	96	EF075407	662	0.0	Uncultured Verrucomicrobia bacterium clone GASP-WDOS1_H02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
105-BITPA1F07	97	DQ395983	494	0.0	Uncultured organism clone ctg_CGOGA40	Penn,K. et al., 2006
106-BITPA3B05	95	EF494340	512	0.0	Uncultured bacterium clone NR.035	Diversidade microbiana de solo – Macalady,J.L. et al., 2007
107-BITPA1D05	93	DQ827992	508	0.0	Uncultured Verrucomicrobia bacterium clone DOK_BIODYN_clone302	Diversidade bacteriana de solos-Hartmann,M. and Widmer,F., 2006
108-BITPA2A06	96	DQ110126	464	0.0	Uncultured Verrucomicrobiales bacterium clone 455T3	Microorganismos de solo -Weber,K.A. et al., 2005
109-BITPA1A12	98	EF072768	380	0.0	Uncultured Rhodoplanes sp. clone GASP-WA2S3_F10	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
110-BITPA1E09	85	AY150890	499	2e-137	Uncultured bacterium clone GR6	Comunidade bacteriana de solo-Mummey,D.L. and Stahl,P.D., 2002
111-BITPA3G08	92	EF516213	485	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP590	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
112-BITPA2A04	96	DQ026645	562	0.0	Streptomyces atroaurantiacus strain NRRL B-24282	Streptomices – Goodfellow,M. et al., 2006
113-BITPA2A05	95	EF075355	515	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WC2W3_C12	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
114-BITPA3C03	97	AY724093	584	0.0	Uncultured bacterium clone DUNssu320 (+1C) (OTU#083)	Comunidade bacteriana -Rosch,C. and Bothe,H., 2005
115-BITPA2B01	98	AY921859	520	0.0	Uncultured Gemmatimonadetes bacterium clone AKYH1258	Comunidade microbiana-Tringe,S.G. et al., 2005
116-BITPA3A06	94	AY177765	621	0.0	Uncultured low G+C Gram-positive bacterium	Diversidade bacteriana solos Califórnia-LaMontagne,M.G. et al., 2003
117-BITPA2A12	94	EF516169	615	0.0	Uncultured bacterium clone FCPU485	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
118-BITPA2F02	95	EF019526	678	0.0	Uncultured Gemmatimonadetes bacterium clone Elev_16S_1029	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
119-BITPA3G03	96	DQ128963	474	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB OF51_F06	Diversidade bacteriana em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
01-BIADJ1A03	97	EF073403	587	0.0	Uncultured alpha proteobacterium clone GASP-WB1S2_C09	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
02-BIADJ2A08	98	EF516517	615	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP475	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
03-BIADJ1H02	98	EF018422	663	0.0	Uncultured Hyphomicrobiaceae bacterium clone Amb_16S_1041	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
04-BIADJ2H10	99	AY326601	589	0.0	Uncultured soil bacterium clone 52-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
05-BIADJ1G04	97	AB240329	591	0.0	Uncultured bacterium clone: RB307	Diversidade bacteriana de rizosfera – Nakamura,Y. et al., 2005
06-BIADJ1B01	97	AY326607	592	0.0	Uncultured soil bacterium clone 557-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
07-BIADJ1H01	96	EF018562	695	0.0	Uncultured Methylocystaceae bacterium clone Amb_16S_826	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
08-BIADJ3C04	99	DQ453803	607	0.0	Uncultured bacterium clone i3	Diversidade microbiana de solo -Huang,T. et al., 2006
09-BIADJ2H07	98	AY775511	588	0.0	Uncultured bacterium clone Molly44Alpha	Morales,S.E. et al., 2006
10-BIADJ3G09	98	DQ830370	465	0.0	Uncultured bacterium clone CON5_A06	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
11-BIADJ3A10	95	EF073443	460	0.0	Uncultured alpha proteobacterium clone GASP-WB1S2_G06	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
12-BIADJ1A08	92	DQ884916	554	0.0	Uncultured bacterium clone 25	Diversidade bacteriana dem solos -Toljander,J.F. et al., 2006
13-BIADJ1C10	96	EF073929	573	0.0	Uncultured gamma proteobacterium clone GASP-WB2S2_B01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
14-BIADJ1D01	92	DQ129058	548	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT SM01_G02	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
15-BIADJ1G05	92	AY043794	517	0.0	Uncultured gamma proteobacterium clone NMW308WL	Diversidade bacteriana solos de floresta da Colômbia-Axelrood,P.E. et al., 2004
16-BIADJ1A09	91	EF018306	522	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_668	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
17-BIADJ2F10	99	AY387367	535	0.0	Uncultured bacterium clone 8M73	Diversidade bacteriana em solos tropicais -Roose-Amsaleg,C. et al.,2004
18-BIADJ1G10	97	AM284972	550	0.0	Burkholderia nodosa, isolate R-25486	Bactérias de leguminosas – Chen,W.M. et al., 2007
19-BIADJ1D07	99	EF088209	508	0.0	Burkholderia gladioli strain S12	Burkholderia – Nandakumar,R. et al.,2006
20-BIADJ1G08	99	AY691395	548	0.0	Burkholderia sp. hpud12	Burkholderia – Barrett,C.F. and Parker,M.A., 2006
21-BIADJ2B09	93	AB247485	510	0.0	Uncultured bacterium clone:Run-SP97	Organismos acumuladores de polifosfatos-Lee,M. et al., 2006
22-BIADJ1G06	98	AB116123	581	0.0	Bacillus sphaericus strain:S33	Isolados de bacterias gram-positivas -Ohnishi,A., 2003
23-BIADJ2E10	97	EF075643	581	0.0	Uncultured Bacillus sp. clone GASP-WDOS3_D11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
24-BIADJ2D04	93	AB089840	528	0.0	Alicyclobacillus pomorum	Isolado de bactéria termo-acidofílica-Goto,K. et al., 2007
25-BIADJ1C06	95	DQ129081	490	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT SM02_E08	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
26-BIADJ3H02	93	EF393471	623	0.0	Uncultured bacterium clone ORSFES_g05	Microorganismos de sedimentos Rio Ohio-D'Angelo,E.M. and Nunez,A.E., 2007
27-BIADJ2D12	97	EF019112	559	0.0	Uncultured proteobacterium clone Amb_16S_1738	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
29-BIADJ2E12	88	AM180156	604	0.0	Ktedobacter racemifer strain SOSPI-21	Bactérias de solo-Cavaletti,L. et al., 2006
30-BIADJ2G11	89	DQ129128.2	544	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT SM03_H07	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
31-BIADJ2H08	87	EF516921	562	1e-177	Uncultured bacterium clone FCPN634	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
32-BIADJ2H05	92	EF516921	640	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN634	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
33-BIADJ2C03	90	AY917970	513	0.0	Uncultured bacterium clone 1982a-46	Comunidade microbiana em solos vulcões Hawai-Gomez-Alvarez,V. and Nuessein,K., 2005
34-BIADJ2A04	97	AY963342	577	0.0	Uncultured bacterium clone AH49	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
35-BIADJ2D05	96	DQ830459	567	0.0	Uncultured bacterium clone CON6_G01	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
36-BIADJ3G12	96	EF020199	478	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1673	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
37-BIADJ2A05	95	AJ863210	633	0.0	Uncultured bacterium clone 20BSU7	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
38-BIADJ3D06	97	EF074580	530	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1S3_D04	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
39-BIADJ1A01	88	AY963441	674	0.0	Uncultured bacterium clone BS03	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
40-BIADJ1H03	96	EF516796	670	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT625	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
41-BIADJ1E08	95	EF588354	608	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-028	Acidobacteria – Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
42-BIADJ2F12	95	EF516715	595	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT492	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
43-BIADJ3E09	98	AY917539	481	0.0	Uncultured bacterium clone 1790d-13	Comunidade microbiana em solos de vulcões Hawai-Gomez-Alvarez,V. and Nuessein,K., 2005
44-BIADJ1C01	98	AY963487	708	0.0	Uncultured bacterium clone BS50	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
45-BIADJ1D06	95	DQ451511	655	0.0	Uncultured bacterium clone FAC72	Comunidade bacteriana solo de Taiwan-Tsai,S.-H. et al., 2006
46-BIADJ1H04	97	EF588337	601	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-011	Acidobacteria – Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
47-BIADJ2E02	95	AY913248	562	0.0	Uncultured forest soil bacterium clone DUNssu029	Diversidade bacteriana solo de floresta – Alemanha -Roesch,C. et al.,2005
48-BIADJ2G05	95	DQ129214	503	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST03_C05G	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
49-BIADJ1E01	96	AY963440	685	0.0	Uncultured bacterium clone BS02	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
50-BIADJ3C01	96	AY963440	645	0.0	Uncultured bacterium clone BS02	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
51-BIADJ1G02	99	DQ128689	541	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT21_H10RU	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
52-BIADJ1G01	95	EF075795	688	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WDOW2_D12	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
53-BIADJ1C04	97	AJ519366	612	0.0	Uncultured Holophaga sp. clone JG37-AG-13	Diversidade bacteriana-Geissler,A., 2002
54-BIADJ3H08	96	AF529322	506	0.0	Uncultured Acidobacterium group bacterium clone CLi114	Populacao microbiana -Carroll,A.B. and Zinder,S.H., 2002
55-BIADJ1H11	95	AY913231	655	0.0	Uncultured forest soil bacterium clone DUNssu010	Diversidade bacteriana solo de floresta – Alemanha -Roesch,C. et al.,2005
56-BIADJ1F08	95	EF588353	532	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-027	Acidobacteria – Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
57-BIADJ2A12	95	AY724006.2	604	0.0	Uncultured bacterium clone DUNssu116 (-1B) (OTU#118)	Comunidade bacteriana – Rosch,C. and Bothe,H., 2005
58-BIADJ1F07	96	DQ129049	539	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT SM01_E02	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
59-BIADJ3B06	97	EF072430	536	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-A1W2_G05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
60-BIADJ2G09	96	DQ664073	533	0.0	Uncultured bacterium clone 9V46	Comunidades microbianas sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
61-BIADJ1B08	98	EF516749	589	0.0	Uncultured bacterium clone FCPS394	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
62-BIADJ1D08	89	AJ295657	603	0.0	Uncultured bacterium KF/GS-JG36-31	Diversidade microbiana de solos-Selenska-Pobell,S. et al., 2004
63-BIADJ2G07	89	DQ128522	527	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT CU03_G10	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
64-BIADJ2C08	87	AY694611	496	2e-160	Uncultured Holophaga sp. clone JAB SMS 87	Comunidades bacterianas em solos-Val-Moraes,S.P. et al., 2005
65-BIADJ3C05	98	EF457325	563	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone D13.0001	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
66-BIADJ1G09	98	EF516748	524	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN741	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
67-BIADJ2B06	91	AY963472	591	0.0	Uncultured bacterium clone BS34	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
68-BIADJ3A06	93	EF457449	600	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone R3.0048	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
69-BIADJ3G11	93	EF457307	490	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone T10.0031	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
70-BIADJ1A05	97	DQ451448	567	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone FAC9	Comunidade bacteriana solo de Taiwan-Tsai,S.-H. et al., 2006
71-BIADJ2B08	96	DQ830713	528	0.0	Uncultured bacterium clone PAS1_C05	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
72-BIADJ3C08	94	AY988634	525	0.0	Uncultured soil bacterium clone LIAD01	Bactéria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
73-BIADJ3B10	96	DQ664060	523	0.0	Uncultured bacterium clone 9V32	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
74-BIADJ2H09	92	DQ829967	645	0.0	Uncultured bacterium clone AG1_C09	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
75-BIADJ1B05	96	EF018770	452	0.0	Uncultured Acidobacteriaceae bacterium clone Amb_16S_1232	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
76-BIADJ3F08	96	EF494374	440	0.0	Uncultured bacterium clone NR27	Diversidade microbiana de solo – Macalady,J.L. et al., 2007
77-BIADJ1E02	93	EF018550	651	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_812	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
78-BIADJ2F11	89	DQ663853	562	0.0	Uncultured bacterium clone 5V84	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
79-BIADJ2A06	96	EF457391	657	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
80-BIADJ3A08	97	EF075497	558	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WDOS2_G12	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
81-BIADJ3D07	96	EF457391	453	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
82-BIADJ2C09	96	EF515877	553	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT602	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
83-BIADJ2H06	97	EF457379	618	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGA.0027	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio -Barns,S.M. et al., 2007
84-BIADJ1E10	95	DQ450710	609	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone C10_WMSP1	Diversidade microbiana-Costello,E.K. and Schmidt,S.K., 2006
85-BIADJ1F01	98	AM697576	680	0.0	Uncultured bacterium isolate BF0002D087	Diversidade bacteriana – Rintala,H. et al., 2007
86-BIADJ2F01	99	AY963503	529	0.0	Uncultured bacterium clone BS67	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
87-BIADJ2D11	98	AY963488	545	0.0	Uncultured bacterium clone BS51	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
88-BIADJ2E11	96	EF516950	545	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP719	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
89-BIADJ2D03	97	AY963478	466	0.0	Uncultured bacterium clone BS40	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
90-BIADJ2E03	90	EF516776	579	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP686	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
91-BIADJ3D04	94	EF516272	576	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN628	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
92-BIADJ1G03	96	AY326547	568	0.0	Uncultured soil bacterium clone 5S-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
93-BIADJ1F06	97	AY326548	571	0.0	Uncultured soil bacterium clone 1S7-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
94-BIADJ1B04	97	AY963381	620	0.0	Uncultured bacterium clone AS12	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
95-BIADJ2C02	97	B240245	582	0.0	Uncultured bacterium clone: BS064	Diversidade bacteriana de rizosfera – Nakamura, Y. et al., 2005
96-BIADJ1C02	97	AY963393	698	0.0	Uncultured bacterium clone AS25	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
97-BIADJ2F06	98	AY326547	586	0.0	Uncultured soil bacterium clone 5S-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
98-BIADJ3C06	98	AY963452	595	0.0	Uncultured bacterium clone BS14	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
99-BIADJ1B03	97	AY963452	568	0.0	Uncultured bacterium clone BS14	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
100-BIADJ1B10	98	EF018396	626	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1009	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
101-BIADJ1F05	96	EF019080	622	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1669	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
102-BIADJ2B12	97	AF431502	526	0.0	Uncultured Acidobacterium group bacterium clone C47.36PG	Diversidade bacteriana floresta da Colômbia-Chow,M.L. et al., 2004
103-BIADJ2B01	97	AY963443	525	0.0	Uncultured bacterium clone BS05	Comunidades bacterianas em solos de floresta (China)-Chan,O.C. et al., 2006
104-BIADJ2D02	95	DQ453805	662	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone i5	Diversidade microbiana de solo -Huang,T. et al., 2006
105-BIADJ3E07	94	EF074473	630	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1S2_C01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
106-BIADJ1D03	95	EF074473	500	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1S2_C01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
107-BIADJ3F05	93	AB254785	576	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Bacterias de sedimentos-Yoshida,H. et al., 2006
108-BIADJ2G10	93	AB254785	608	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Bacterias de sedimentos-Yoshida,H. et al., 2006
109-BIADJ2C01	94	EF074473	525	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1S2_C01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
110-BIADJ3C12	96	AJ519370	608	0.0	Uncultured Holophaga sp. clone JG37-AG-40	Diversidade bacteriana-Geissler,A., 2002
111-BIADJ2D01	91	AB254785	501	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Bacterias de sedimentos-Yoshida,H. et al., 2006
112-BIADJ3A04	92	AB254785	659	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Bacterias de sedimentos-Yoshida,H. et al., 2006
113-BIADJ3G02	93	AB254785	544	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Bacterias de sedimentos-Yoshida,H. et al., 2006
114-BIADJ3B12	93	AY723995	519	0.0	Uncultured bacterium clone DUN1_63-778_+B08	Comunidade bacteriana – Rosch,C. and Bothe,H., 2005
115-BIADJ3A02	96	AY913495	667	0.0	Uncultured forest soil bacterium clone DUNssu295	Diversidade bacteriana solo de floresta – Alemanha -Roesch,C. et al.,2005
116-BIADJ3B08	95	AY913495	597	0.0	Uncultured forest soil bacterium clone DUNssu295	Diversidade bacteriana solo de floresta – Alemanha -Roesch,C. et al.,2005
117-BIADJ3H10	93	EF457491	593	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone RP7.0006	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
118-BIADJ3D12	92	AB238783	565	0.0	Uncultured bacterium clone: HSM-SS-020	Diversidade bacteriana – solos-Akiyama,M. et al., 2006
119-BIADJ3F12	92	AB238783	537	0.0	Uncultured bacterium clone: HSM-SS-020	Diversidade bacteriana – solos-Akiyama,M. et al., 2006
120-BIADJ3A07	93	AB238783	620	0.0	Uncultured bacterium clone: HSM-SS-020	Diversidade bacteriana – solos-Akiyama,M. et al., 2006

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
121-BIADJ3E08	90	AY989453	531	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A3B12	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
122-BIADJ2F08	95	AY703471	510	0.0	Uncultured bacterium isolate ALT6	Comunidade de acidobacterias em cavernas-Zimmermann,J. et al., 2005
123-BIADJ2G08	97	EF072179	529	0.0	Uncultured proteobacterium clone GASP-WA1S3_H08	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
124-BIADJ2D07	89	AJ009448	585	0.0	uncultured bacterium SJA-4 clone SJA-4	Microrganismos anaeróbicos-von Wintzingerode,F. et al., 2003
125-BIADJ3B04	97	AY562343	510	0.0	Uncultured beta proteobacterium clone Sta2-46	Diversidade bacteriana de rio-Cottrell,M.T. et al., 2005
126-BIADJ1D11	92	AF392696	482	0.0	Uncultured bacterium clone LAH4	Analise genetica microbiana de rizosferas-Sakano,Y., Strom,P. and Kerkhof,L., 2004
127-BIADJ1H06	89	AB128874	602	0.0	Uncultured bacterium clone: 1174-1091-4	Comunidade microbiana de sedimentos-Murakami,Y. and Naganuma,T., 2005
128-BIADJ2H01	92	DQ663802	622	0.0	Uncultured bacterium clone 5V13	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
129-BIADJ2B04	97	EF516526	588	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP428	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
130-BIADJ1F04	93	EF018149	544	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_484	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
131-BIADJ2F05	96	DQ663840	518	0.0	Uncultured bacterium clone 5V63	Comunidades microbianas de sedimentos contaminados petróleo - Allen,J.P. et al., 2007
132-BIADJ1A11	98	DQ451477	656	0.0	Uncultured Nitrospirae bacterium clone FAC38	Comunidade bacteriana solo de Taiwan-Tsai,S.-H. et al., 2006
133-BIADJ2E04	90	EF455198	531	0.0	Uncultured soil bacterium clone C57-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
134-BIADJ1F02	98	EF019121	594	0.0	Uncultured Verrucomicrobia bacterium clone Amb_16S_1750	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
01-MITPA1A08	87	AY711539	514	3e-169	Uncultured proteobacterium clone SIMO-2173	Diversidade de procariontos de ambiente salino-Moran,M.A. et al., 2007
02-MITPA2E10	85	DQ444026	526	4e-148	Uncultured bacterium clone PH1-25	Comunidade microbiana de sedimentos de rio-Zhao,Y.-G. et al., 2006
03-MITPA1F02	96	DQ664135	647	0.0	Uncultured bacterium clone 9S39	Comunidade microbiana de sedimentos contaminados com petróleo - Allen,J.P. et al., 2007
04-MITPA1E03	96	DQ444026	578	0.0	Uncultured bacterium clone PH1-25	Comunidade microbiana de sedimentos de rio-Zhao,Y.-G. et al., 2006
05-MITPA3B05	92	AY326579	543	0.0	Uncultured soil bacterium clone 221-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
06-MITPA2C02	92	AJ518798	554	0.0	Uncultured delta proteobacterium clone JG37-AG-113	Diversidade bacteriana-Geissler,A., 2002
07-MITPA1G10	94	EF516565	596	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP581	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
08-MITPA3D08	97	DQ154514	482	0.0	Uncultured soil bacterium clone RFS-C197	Bacterias de solo-Becker,J.M. et al., 2005
09-MITPA1H04	90	EF459921	560	0.0	Uncultured bacterium clone 246b2	População bacteriana em sedimento marinho-Edlund,A. et al., 2007
10-MITPA1A01	95	AY177760	654	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium isolate 5g10	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
11-MITPA1F01	96	EF073995	600	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB2S3_G11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
12-MITPA1B09	96	EF073995	487	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB2S3_G11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
13-MITPA1G07	94	AY177760	531	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium isolate 5g10	Diversidade bacteriana de solo – Califórnia-LaMontagne,M.G. et al., 2003
14-MITPA3H04	94	DQ827894	508	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone DOK_BIODYN_clone185	Diversidade bacteriana de solo-Hartmann,M. and Widmer,F., 2006
15-MITPA1C07	91	AY326582	587	0.0	Uncultured soil bacterium clone 31-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
16-MITPA2G06	98	AY326582	555	0.0	Uncultured soil bacterium clone 31-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
17-MITPA1C04	96	DQ499285	638	0.0	Uncultured bacterium clone CV26	Biofilme em caverna-Macalady,J.L. et al., 2007
18-MITPA1H03	99	EF074139	671	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB2W1_E12	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
19-MITPA2F04	98	AY921692	618	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone AKYG641	Estudo de comunidade microbiana-Tringe,S.G. et al., 2005
20-MITPA3C09	96	AY493929	613	0.0	Uncultured soil bacterium clone 284	Comunidade bacteriana de solos-Kim,J.-S. and Crowley,D.E., 2003
21-MITPA3C12	97	AJ252662	599	0.0	Agricultural soil bacterium clone SC-I-86	Bacteria de solo agricola -Lukow,T., 2000
22-MITPA2D10	97	DQ444017	648	0.0	Uncultured bacterium clone PH1-16	Comunidade microbiana de sedimentos de rio-Zhao,Y.-G. et al., 2006
23-MITPA2H03	96	DQ648910	615	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone lhad11	Biodiversidade de bacteria em solo e rizosfera-Aguirre de Carcer,D. and Rivilla,R., 2006
24-MITPA2H04	95	AF431512	498	0.0	Uncultured Acidobacteria group bacterium clone S526PG	Diversidade bacteriana floresta da Colômbia-Chow,M.L. et al., 2004
25-MITPA3H11	96	EF457304	600	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone T10.0019	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
26-MITPA3B10	97	EF455179	504	0.0	Uncultured soil bacterium clone C38-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
27-MITPA1A04	96	AY150900	625	0.0	uncultured Acidobacteriales bacterium clone GR20	Comunidade bacteriana de solo-Mummey,D.L. and Stahl,P.D., 2002
28-MITPA1C11	96	EF516240	596	0.0	Uncultured bacterium clone FCP5597	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
29-MITPA3C04	96	AY989496	571	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A3G09	Bacteria de solo - Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
30-MITPA2B06	97	B273816	611	0.0	Uncultured bacterium clone: EXP-16S-13C-light-Clone_24	Bacterias de solos úmidos - Murase,J. and Frenzel,P., 2006
31-MITPA1B03	95	AM158372	534	0.0	Uncultured bacterium partial S412D	Diversidade bacteriana de rizosfera-Saenz de Miera,L.E. et al, 2006
32-MITPA2G04	99	DQ532211	539	0.0	Uncultured bacterium clone JSC7-22	Diversidade microbiana de ambientes restritos-Dekas,A. et al., 2006
33-MITPA1A02	96	AJ863260	659	0.0	Uncultured bacterium clone 26BSF5	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
34-MITPA3D04	95	DQ128762	533	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT51_F07	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
35-MITPA1E05	96	AY921976	592	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone AKYG1709	Estudo de comunidade microbiana-Tringe,S.G. et al., 2005
36-MITPA2D09	98	EF019772	550	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_953	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
37-MITPA1B11	97	EF074940	556	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC2S1_E06	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
38-MITPA3D03	96	AJ863210	530	0.0	Uncultured bacterium clone 20BSU7	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
39-MITPA3H05	96	AY922161	584	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone AKYH853	Estudo de comunidade microbiana-Tringe,S.G. et al., 2005
40-MITPA1G02	96	AY274124	480	0.0	Uncultured bacterium clone D114	Diversidade em mina contaminada com metal pesado-Nemergut,D.R., 2004
41-MITPA3B02	97	EF455353	567	0.0	Uncultured soil bacterium clone E27-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
42-MITPA3D07	97	EF020075	536	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1482	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
43-MITPA2F07	98	EF018668	559	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_955	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
44-MITPA2A11	97	DQ297968	555	0.0	Uncultured soil bacterium clone UC7	Diversidade microbiana de solos contaminados com hidrocarboneto - Paidiseti,R.K. et al., 2005
45-MITPA3A07	96	EF019378	546	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_606	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
46-MITPA3G01	97	DQ128991	533	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB OF53_G07	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
47-MITPA2C08	95	EF457496	565	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone RP7.0015	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
48-MITPA2G12	96	EF020199	520	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1673	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
49-MITPA3B03	96	EF075343	600	0.0	Uncultured proteobacterium clone GASP-WC2W3_B11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
50-MITPA2G08	96	EF075144	599	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WC2W1_A07	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
51-MITPA1E10	95	EF457432	616	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone R2.0058	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio – Barns,S.M. et al., 2007
52-MITPA3A11	94	EF020199	491	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1673	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
53-MITPA2B08	96	DQ444056	550	0.0	Uncultured bacterium clone PH10-19	Comunidade microbiana de sedimentos de rio -Zhao,Y.-G. et al., 2006
54-MITPA3A03	96	DQ444056	526	0.0	Uncultured bacterium clone PH10-19	Comunidade microbiana de sedimentos de rio-Zhao,Y.-G. et al., 2006
55-MITPA3C03	96	EF075273	550	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC2W2_D11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
56-MITPA1C02	92	EF457499	621	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone RP7.0025	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
57-MITPA2F05	93	AY922154	555	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone AKYH735	Estudo de comunidade microbiana-Tringe,S.G. et al., 2005
58-MITPA2F09	99	EF392988	544	0.0	Uncultured bacterium clone ORS25C_d04	Microorganismos de sedimentos do Rio Ohio -D'Angelo,E.M. and Nunez,A.E., 2007
59-MITPA2D08	98	AF234142	549	0.0	Uncultured bacterium #0319-7F19	Diversidade de Actinobacteria em solo da Austrália-Holmes,A.J. et al., 2004
60-MITPA1B06	94	AB293379	605	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone: CH-14	Microorganismos em solos de arroz-Hori,T. et aol, 2007
61-MITPA3A02	97	AJ863257	562	0.0	Uncultured bacterium clone 21BSF7	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
62-MITPA2C11	97	EF417737	554	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone LF048	Acidobacterias - Zhou,J.P. et al., 2007
63-MITPA1F06	94	EF417737	593	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone LF048	Acidobacterias - Zhou,J.P. et al., 2007
64-MITPA2F03	95	EF417737	554	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone LF048	Acidobacterias - Zhou,J.P. et al., 2007
65-MITPA2E09	97	AY221061	554	0.0	Uncultured bacterium clone CCM3a	Bactérias da caverna Mammoth – Fowler,R. et al., 2003
66-MITPA3B12	97	EF417702	525	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone LF013	Acidobacterias - Zhou,J.P. et al., 2007
67-MITPA1F10	98	EF417697	616	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone LF008	Acidobacterias - Zhou,J.P. et al., 2007
68-MITPA1A03	96	EF457318	609	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone T10.0065	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio- Barns,S.M. et al., 2007
69-MITPA3C06	95	EF457302	602	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone T10.0015	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio- Barns,S.M. et al., 2007
70-MITPA3A05	93	DQ453809	552	0.0	Uncultured bacterium clone i10	Diversidade bacteriana de solo-Huang,T. et al., 2006
71-MITPA2A07	95	AB265877	554	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone: LH-54	Microorganismos do solo - Hori,T. et al., 2007
72-MITPA2G03	95	DQ453809	544	0.0	Uncultured bacterium clone i10	Diversidade bacteriana de solo-Huang,T. et al., 2006
73-MITPA3A12	96	EF393070	534	0.0	Uncultured bacterium clone ORS40C_h05	Microorganismos de sedimentos do Rio Ohio-D'Angelo,E.M. and Nunez,A.E., 2007
74-MITPA2A10	96	EF393070	541	0.0	Uncultured bacterium clone ORS40C_h05	Microorganismos de sedimentos do Rio Ohio -D'Angelo,E.M. and Nunez,A.E., 2007
75-MITPA1D11	94	EF020088	553	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1498	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
76-MITPA1B02	94	DQ463266	634	0.0	Uncultured bacterium clone ES3-47	Comunidade microbiana de sedimentos de rio -Zhao,Y.-G. et al., 2006
77-MITPA3G07	97	AB201577	511	0.0	Uncultured bacterium clone: N-C-227	Comunidade microbiana de solos-Suzuki,C. et al., 2005
78-MITPA2H09	95	EF020088	510	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1498	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
79-MITPA2B04	93	AY989076	534	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A.7G10	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
80-MITPA3E11	93	EF018479	567	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1107	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
81-MITPA1F09	92	AY989076	555	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A.7G10	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
82-MITPA1A06	91	EF457381	543	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGA.0029	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
83-MITPA3E06	98	EF455262	527	0.0	Uncultured soil bacterium clone D23-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
84-MITPA1A09	97	EF019176	529	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1833	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
85-MITPA3D10	97	DQ404693	612	0.0	Uncultured bacterium clone 655906	População microbiana de sedimento contaminado-Abulencia,C.B. et al., 2006
86-MITPA1D08	99	DQ404693	553	0.0	Uncultured bacterium clone 655906	População microbiana de sedimento contaminado-Abulencia,C.B. et al., 2006
87-MITPA3C10	99	EF455264	622	0.0	Uncultured soil bacterium clone D25-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
88-MITPA1H09	98	EF457507	554	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone RP7.0079	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio -Barns,S.M. et al., 2007
89-MITPA1H02	97	Z95722	673	0.0	Bacterial species (clone RB41)	Bacterias com ampla distribuição-Ludwig,W. et al., 2006
90-MITPA1B04	96	AY989267	596	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A0E10	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
91-MITPA1H01	96	AY988928	647	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A.5F06	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
92-MITPA1E06	99	EF075324	512	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WC2W3_A03	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
93-MITPA1F11	96	DQ128700	552	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT22_B10	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
94-MITPA3B09	97	DQ128349	502	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB CT52_G01	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
95-MITPA1F05	94	EF127623	529	0.0	Uncultured organism clone DLE128	Microrganismos encontrados no gelo-Lee,S. et al., 2007
96-MITPA1F04	98	AY326530	693	0.0	Uncultured soil bacterium clone 7-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
97-MITPA3B06	96	AY326533	607	0.0	Uncultured soil bacterium clone 1267-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
98-MITPA1B01	96	EF457383	552	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGA.0058	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
99-MITPA2E08	96	AY989307	560	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1A1A10	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
100-MITPA2H11	98	EF455453	481	0.0	Uncultured soil bacterium clone F52-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
101-MITPA1H10	98	EF455182	570	0.0	Uncultured soil bacterium clone C41-Fw 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
102-MITPA2C03	97	AY326576	585	0.0	Uncultured soil bacterium clone 894-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
103-MITPA2E05	98	EF075168	580	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC2W1_C08	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
104-MITPA1C09	95	AY493918	491	0.0	Uncultured soil bacterium clone 199	Comunidade bacteriana de solo-Kim,J.-S. and Crowley,D.E., 2003
105-MITPA1G05	93	EF019604	582	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1129	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
106-MITPA3F12	93	DQ664148	539	0.0	Uncultured bacterium clone 9S56	Comunidade microbiana de sedimentos contaminados com petróleo -Allen,J.P. et al., 2007
107-MITPA3A01	99	EF457395	594	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0067	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
108-MITPA1D09	95	DQ664148	485	0.0	Uncultured bacterium clone 9S56	Comunidade microbiana de sedimentos contaminados com petróleo - Allen,J.P. et al., 2007
109-MITPA2D03	97	EF457474	518	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone RP16.0040	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio -Barns,S.M. et al., 2007
110-MITPA1D04	94	DQ463237	645	0.0	Uncultured bacterium clone DS3-58	Comunidade microbiana de sedimentos de rio-Zhao,Y.-G. et al., 2006
111-MITPA2F08	95	EF457307	530	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone T10.0031	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
112-MITPA2G07	97	EF516736	536	0.0	Uncultured bacterium clone FCPU539	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
113-MITPA2H05	96	DQ444068	616	0.0	Uncultured bacterium clone PH10-31	Comunidade microbiana de sedimentos de rio-Zhao,Y.-G. et al., 2006
114-MITPA2C07	95	EF073572	509	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WB1W1_C05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
115-MITPA3B01	94	EF073572	519	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WB1W1_C05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
116-MITPA2E04	91	EF590003	557	0.0	Uncultured bacterium clone E09	Diversidade bacteriana em sedimentos contaminados com nitrobenzeno Li,D. et al., 2007
117-MITPA1F08	97	EF515915	547	0.0	Uncultured bacterium clone FCPS549	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
118-MITPA1A07	99	AY177763	556	0.0	Uncultured Gram-positive bacterium isolate 5G01	Diversidade bacteriana de solo – Califórnia-LaMontagne,M.G. et al., 2003
119-MITPA2A02	97	DQ499302	532	0.0	Uncultured bacterium clone CV53	Diversidade microbiana de solo-Macalady,J.L. et al., 2007
120-MITPA2H06	98	AY960262	488	0.0	Uncultured beta proteobacterium clone 894	Comunidade microbiana-Gonzalez,J.M. et al., 2006
121-MITPA1D01	98	DQ264442	655	0.0	Uncultured bacterium clone BANW446	Diversidade microbiana - DeSantis,T.Z. et al., 2007
122-MITPA1D07	91	DQ128434	529	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT CU01_E02	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
123-MITPA1H06	89	DQ128434	541	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT CU01_E02	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
124-MITPA3C07	98	AY326522	448	0.0	Uncultured soil bacterium clone 27-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
125-MITPA1E08	97	EF032778	637	0.0	Uncultured candidate division WS3 bacterium clone HAVOmat06	Microrganismos de caverna vulcânica-Brown,M.V. et al., 2006
126-MITPA2G09	98	AY493917	518	0.0	Uncultured soil bacterium clone 439	Comunidade bacteriana de solo-Kim,J.-S. and Crowley,D.E., 2003
127-MITPA2D02	96	DQ499326	573	0.0	Uncultured bacterium clone CV106	Diversidade microbiana de solo-Macalady,J.L. et al., 2007
128-MITPA2G11	98	EF072730	549	0.0	Uncultured delta proteobacterium clone GASP-WA2S3_C06	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
129-MITPA3H07	93	DQ827812	503	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone DOK_BIODYN_clone096	Diversidade bacteriana de solo-Hartmann,M. and Widmer,F., 2006
130-MITPA1E01	96	DQ827812	492	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone DOK_BIODYN_clone096	Diversidade bacteriana de solo-Hartmann,M. and Widmer,F., 2006

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
131-MITPA3D01	82	AY327189	557	1e-128	Uncultured bacterium clone ZB9	Diversidade bacteriana-Elshahed,M.S., et al., 2003
132-MITPA3B08	89	Y592341	543	0.0	Uncultured bacterium clone Amsterdam-1B-38	Comunidades microbianas em lamas vulcanicas marinhas-Heijs,S.K. et al., 2004
133-MITPA3H02	90	EF019897	501	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1264	Diversidade bacteriana solo – Aspen-Lesaulnier,C.C. et al., 2007
134-MITPA3C02	82	BX294875	605	2e-136	Uncultured bacterium clone 032D01_P_BA_P3	Diversidade microbiana -Chouari,R. et al., 2006
135-MITPA2E06	97	EF455267	538	0.0	Uncultured soil bacterium clone D28-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
136-MITPA3E08	98	DQ828622	487	0.0	Uncultured Nitrospira sp. clone DOK_CONFYM_clone362	Diversidade bacteriana de solo-Hartmann,M. and Widmer,F., 2006
137-MITPA2D12	93	DQ664174	577	0.0	Uncultured bacterium clone 9S89	Comunidade microbiana de sedimentos contaminados com petróleo - Allen,J.P. et al., 2007
138-MITPA1C01	87	AY191334	571	0.0	Uncultured alpha proteobacterium isolate ODP1176A1H3z_7_B	Comunidade microbianas de sedimentos-Kormas,K.A. et al., 2003
139-MITPA3F07	95	DQ128703	511	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT22_C07	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
140-MITPA2A06	96	AJ863208	520	0.0	Uncultured bacterium clone 25BSU20	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
141-MITPA1E07	96	AJ863368	508	0.0	Uncultured bacterium clone 28RHF15	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
142-MITPA1G08	90	AY326635	538	0.0	Uncultured soil bacterium clone 1180-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
143-MITPA2B10	93	AY988610	542	0.0	Uncultured soil bacterium clone L1AA03	Bacteria de solo-Schloss,P.D. and Handelsman,J., 2005
144-MITPA2H10	92	EF594058	570	0.0	Uncultured bacterium clone KIST-JJY026	Amostras ambientais-Park,K.S. et al., 2007
145-MITPA1D12	97	AY214739	608	0.0	Uncultured Bacilli bacterium clone BB-1-G10	Comunidade bacteriana de solos-Liles,M.R. et al., 2003
146-MITPA1E02	97	AB271056	716	0.0	Paenibacillus panacarvi	Diversidade bacteriana de solos – Im,W. and Lee,S., 2006
147-MITPA3A10	99	AJ863232	624	0.0	Uncultured bacterium clone 26BSF26	Comunidade bacteriana de solos-Graff,A. and Conrad,R., 2005
01-MIADJ1A01	98	AY963453	657	0.0	Uncultured bacterium clone BS15	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
02-MIADJ1E06	98	AY963453	564	0.0	Uncultured bacterium clone BS15 e	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
03-MIADJ1B09	96	AY326591	477	0.0	Uncultured soil bacterium clone 845-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
04-MIADJ1B06	99	AY326598	496	0.0	Uncultured soil bacterium clone 1251-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
05-MIADJ3B05	96	AY917434	489	0.0	Uncultured bacterium clone 1700a-41	Comunidade microbiana em solos de recentes vulcões Hawai-Gomez-Alvarez,V. and Nuesslein,K., 2005
06-MIADJ2D02	99	DQ381722	462	0.0	Burkholderia sp. IBRC204	Bactéria fixadora de N associada a nódulo de Mimoseae-Patzeze,C.M. and Cordeiro,L., 2006
07-MIADJ2F12	97	AY395360	563	0.0	Uncultured gamma proteobacterium clone EB1041	Bactérias de solo -Schoenborn,L. et al., 2004
08-MIADJ1A04	89	DQ316803	576	0.0	Uncultured gamma proteobacterium clone 61-01-00d090	Comunidade microbiana de sedimentos contaminados com urânio-Akob,D.M. et al., 2006
09-MIADJ3C02	96	EF074652	554	0.0	Uncultured proteobacterium clone GASP-WC1W1_D11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
10-MIADJ3F12	99	DQ129164	501	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST02_C10	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
11-MIADJ1C05	99	DQ128559	585	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NF52_A10	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
12-MIADJ2B12	96	AB240329	577	0.0	Uncultured bacterium clone: RB307	Diversidade bacteriana de rizosfera – Nakamura,Y. et al., 2005
13-MIADJ2F04	98	AY154637	485	0.0	Uncultured earthworm cast bacterium clone c292	Bacterias intestinais de vermes-Singleton,D.R. et al., 2003
14-MIADJ2H05	97	EF613819	391	0.0	Uncultured bacterium clone GA93	Diversidade bacteriana de várzea de arroz -Kim,M.C. and Ka,J.O., 2007
15-MIADJ2D07	92	EF018562	507	0.0	Uncultured Methylocystaceae bacterium clone Amb_16S_826	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
16-MIADJ2C03	95	AY913404	502	0.0	Uncultured forest soil bacterium clone DUNssu198	Diversidade bacteriana solo de floresta – Alemanha -Roersch,C. et al.,2005
17-MIADJ2G04	97	AF465654	409	0.0	Uncultured alpha proteobacterium YNPRH71B	Comunidade microbiana de solo em ambientes térmicos-Norris,T.B. et al., 2004
18-MIADJ3F03	94	EF588341	508	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-015	Diversidade de Acidobactéria-Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
19-MIADJ3A11	99	AY963488	500	0.0	Uncultured bacterium clone BS51	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
20-MIADJ3A07	98	AY963488	572	0.0	Uncultured bacterium clone BS51	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China-Chan,O.C. et al., 2006
21-MIADJ2F10	98	DQ829857	499	0.0	Uncultured bacterium clone AG2_C01	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
22-MIADJ3H03	98	EF072968	574	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-A2W3_H09	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
23-MIADJ1D02	96	EF075243	586	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC2W2_B02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
24-MIADJ1H01	96	EF019194	547	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone Amb_16S_1868	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
25-MIADJ1D06	97	DQ830713	571	0.0	Uncultured bacterium clone PAS1_C05	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
26-MIADJ2B04	96	EF588355	494	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-029	Diversidade de Acidobactéria-Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
27-MIADJ1G08	95	AY963493	551	0.0	Uncultured bacterium clone BS57	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
28-MIADJ1E02	94	EF515877	633	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT602	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
29-MIADJ3C08	95	AY963426	534	0.0	Uncultured bacterium clone AS63	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
30-MIADJ3A08	93	EF516272	621	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN628	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
31-MIADJ3D10	93	EF074920	535	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC2S1_C08	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
32-MIADJ3A02	94	AY963515	634	0.0	Uncultured bacterium clone BS79	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
33-MIADJ1B01	96	AY963480	530	0.0	Uncultured bacterium clone BS42	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
34-MIADJ1G05	98	EF393004	414	0.0	Uncultured bacterium clone ORS25C_g04	Microrganismos de sedimentos do Rio Ohio -D'Angelo,E.M. and Nunez,A.E., 2007
35-MIADJ1B03	97	EF074319	439	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB2W3_E03	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
36-MIADJ2B05	95	EF075462	499	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WDOS1_E01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
37-MIADJ2A06	95	AY963493	557	0.0	Uncultured bacterium clone BS57	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
38-MIADJ2C08	96	EF516244	528	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN690	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
39-MIADJ2B08	98	EF457391	528	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
40-MIADJ3E01	97	EF457391	598	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
41-MIADJ2C12	95	EF457391	545	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
42-MIADJ3D12	94	EF457391	574	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
43-MIADJ2F11	86	EF516697	516	2e-151	Uncultured bacterium clone FCPN566	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
44-MIADJ2F07	98	EF075896	469	0.0	Uncultured Acidobacterales bacterium clone GASP-WDOW3_D06	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
45-MIADJ3E09	97	EF073506	524	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WB1S3_D04	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
46-MIADJ3B10	98	EF075558	536	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WDOS2_E04	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
47-MIADJ2D08	98	EF455194	548	0.0	Uncultured soil bacterium clone C53-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
48-MIADJ3E10	98	EF074633	502	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1W1_B10	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
49-MIADJ3B06	97	EF516748	506	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN741	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
50-MIADJ3D09	98	EF073569	476	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WB1W1_C02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
51-MIADJ2G03	87	AY694612	571	6e-176	Uncultured Holophaga sp. clone JAB SMS 91	Comunidades bacterianas em solos-Val-Moraes,S.P. et al., 2005
52-MIADJ3G01	98	EF516304	581	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT689	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
53-MIADJ1A12	97	EF515903	577	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT437	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
54-MIADJ1D05	99	AY963452	555	0.0	Uncultured bacterium clone BS14	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
55-MIADJ2D11	97	AY326548	445	0.0	Uncultured soil bacterium clone 157-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
56-MIADJ2D09	97	AJ536863	532	0.0	Uncultured Holophaga sp. clone JG30-KF-C5	Diversidade bacteriana de solo - Satchanska,G. et al., 2003
57-MIADJ3H01	97	DQ017939	572	0.0	Uncultured bacterium clone S-Jos_51	Comunidade bacteriana de água da Europa-Beier,S. et al., 2005
58-MIADJ1C02	97	DQ830299	670	0.0	Uncultured bacterium clone CON4_D04	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
59-MIADJ2E04	96	EF588357	523	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-031	Diversidade de Acidobactéria-Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
60-MIADJ2A08	95	EF018429	676	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1048	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
61-MIADJ2G05	97	AJ252655	432	0.0	Agricultural soil bacterium clone SC-I-77	Bacteria de solo agricola -Lukow,T., 2000
62-MIADJ1D12	96	EF074978	617	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WC2S2_B11	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
63-MIADJ3E04	97	EF614073	526	0.0	Uncultured bacterium clone NGD51	Diversidade bacteriana de várzea de arroz-Kim,M.C. and Ka,J.O., 2007
64-MIADJ2A10	93	DQ509357	636	0.0	Uncultured bacterium clone Toolik_Aug2004_Shrib_Organic_78	Comunidade bacteriana e fungica no Ártico -Wallenstein,M.D. et al., 2007
65-MIADJ3C04	92	AJ519370	448	4e-172	Uncultured Holophaga sp. clone JG37-AG-40	Diversidade bacteriana-Geissler,A., 2002
66-MIADJ1H02	93	AB254785	615	0.0	Uncultured bacterium clone: TakashiA-B36	Bacterias de sedimentos-Yoshida,H. et al., 2006
67-MIADJ3G10	93	AF432843	450	0.0	Uncultured bacterium clone S54.21PG	Bacteria - Harris,J.K. et al., 2004
68-MIADJ3C01	95	EF074473	566	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1S2_C01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
69-MIADJ2D10	99	AY373357	581	0.0	Bacillus mycoides strain c2 Length=1506	Identificação de Bacilus-Ding,Y. and Chen,S., 2003
70-MIADJ3B12	98	EF457341	510	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone D13.0060	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
71-MIADJ1A06	96	EF516723	471	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP515	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
72-MIADJ3F06	98	DQ128991	529	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB OF53_G07	Comunidades bacterianas em solos de floresta e agricultura-Upchurch,R. et al., 2006
73-MIADJ3A05	96	AF145843	547	0.0	Metal-contaminated soil clone K20-48	Diversidade bacteriana em solos contaminados com metal-Marsh,T.L. et al., 2004
74-MIADJ3D08	99	EF516886	514	0.0	Uncultured bacterium clone FCPO387	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
75-MIADJ3G04	98	EF074625	420	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WC1W1_B01	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
76-MIADJ3C12	94	EF613988	566	0.0	Uncultured bacterium clone NGA66	Diversidade bacteriana de várzea de arroz -Kim,M.C. and Ka,J.O., 2007
77-MIADJ3G03	97	EF075598	574	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WDOS3_H10	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
78-MIADJ1H03	99	EF073454	528	0.0	Uncultured Firmicutes bacterium clone GASP-WB1S3_G08	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
79-MIADJ1H11	90	EF515913	532	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP604	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(continuação)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	value	Organismo	Ambiente – Autor
80-MIADJ3E02	97	EF455177	487	0.0	Uncultured soil bacterium clone C36-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
81-MIADJ3A09	98	AY963514	557	0.0	Uncultured bacterium clone BS78	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
82-MIADJ2B03	93	EF457402	410	1e-172	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGC.0014	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
83-MIADJ2D05	94	DQ129081	454	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT SM02_E08	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
84-MIADJ3E05	97	DQ830110	478	0.0	Uncultured bacterium clone CON2_E05	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
85-MIADJ3H06	97	DQ830466	614	0.0	Uncultured bacterium clone CON6_B09	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
86-MIADJ2C01	98	AY922046	516	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone AKYG636	Comunidade microbiana-Tringe,S.G. et al., 2005
87-MIADJ2B08	98	EF457391	528	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone BGB.0024	Sedimentos subsuperficiais contaminados urânio-Barns,S.M. et al., 2007
88-MIADJ3A10	96	EF075793	562	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WDOW2_D10	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
89-MIADJ2A02	98	EF516796	599	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT625	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
90-MIADJ3D06	97	EF516715	510	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT492	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
91-MIADJ1E04	96	EF516825	588	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN424	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
92-MIADJ1C08	96	EF075719	603	0.0	Uncultured Bacteroidetes bacterium clone GASP-DOW1_C05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
93-MIADJ1F05	94	AY917466	506	0.0	Uncultured bacterium clone 1700b-41	Comunidade microbiana em solos de recentes vulcões Hawai -Gomez-Alvarez,V. and Nuesslein,K., 2005
94-MIADJ1G01	98	EF516715	518	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT492	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
95-MIADJ1D09	95	EF588331	512	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone WSD-005	Diversidade de Acidobactéria-Cho,J.-C. and Lee,S.-H., 2007
96-MIADJ1E01	95	AY326554	613	0.0	Uncultured soil bacterium clone 958-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
97-MIADJ1C04	91	EF516796	659	0.0	Uncultured bacterium clone FCPT625	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
98-MIADJ1E03	97	AJ536884	610	0.0	Uncultured bacterium clone JG30-KF-AS19	Diversidade bacteriana de solo - Satchanska,G. et al., 2003
99-MIADJ3G11	97	EF075731	429	0.0	Uncultured Acidobacteria bacterium clone GASP-WDOW1_D05	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
100-MIADJ3C03	94	AY326552	483	0.0	Uncultured soil bacterium clone 821-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
101-MIADJ2H10	91	EF516921	638	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN634	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
102-MIADJ3A12	95	AY326529	478	0.0	Uncultured soil bacterium clone 271-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
103-MIADJ3B02	97	AY326529	505	0.0	Uncultured soil bacterium clone 271-2	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
104-MIADJ1F03	99	AY373357	550	0.0	Bacillus mycoides strain c2	Bacillus fixadores de nitrogenio-Ding,Y. and Chen,S., 2003
105-MIADJ2H04	99	DQ830281	457	0.0	Uncultured bacterium clone CON1_D11	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
106-MIADJ1G11	91	AB089253	455	2e-176	Paenibacillus sp. St-4	Rizosfera de espinafre – Hosoda,A. et al., 2004
107-MIADJ2D12	98	AJ863291	527		Uncultured bacterium clone 4RHU38	Comunidade bacteriana de solos alagados-Graff,A. and Conrad,R., 2005
108-MIADJ3H11	97	EF434351	502	0.0	Uncultured Clostridiales bacterium clone 1099982248111	Microbiota gastrointestinal humana-Palmer,C. et al., 2007
109-MIADJ1H07	96	DQ829260	420	0.0	Uncultured proteobacterium clone DOK_NOFERT_clone304	Comunidade bacteriana de solo -Hartmann,M. and Widmer,F., 2006
110-MIADJ1E10	97	AY326516	613	0.0	Uncultured soil bacterium clone 2-1	Terra Preta – Amazônia – Kim,J.-S. et al., 2006
111-MIADJ3B09	89	AY917912	483	2e-166	Uncultured bacterium clone 1979a-10	Comunidade microbiana em solos de recentes vulcões Hawai -Gomez-Alvarez,V. and Nuesslein,K., 2005
112-MIADJ2A11	96	DQ154622	415	0.0	Uncultured soil bacterium clone RFS-C309	Bacterias de solo-Becker,J.M. et al., 2005
113-MIADJ1C06	95	EF073331	529	0.0	Uncultured Nitrospira sp. clone GASP-WB1S1_D08	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
114-MIADJ1E11	94	DQ830404	507	0.0	Uncultured bacterium clone CON5_C02	Comunidades bacterianas em solos arroz-Upchurch,R. et al., 2006
115-MIADJ1A05	98	DQ451477	540	0.0	Uncultured Nitrospirae bacterium clone FAC38	Comunidade bacteriana solo de Taiwan-Tsai,S.-H. et al., 2006
116-MIADJ2E05	96	EF455267	467	0.0	Uncultured soil bacterium clone D28-Fw	Diversidade bacteriana – solo contaminado Hg (EUA)-Oregaard,G. et al., 2007
117-MIADJ1B04	98	EF075848	467	0.0	Uncultured Nitrospira sp. clone GASP-WDOW3_H02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
118-MIADJ1E08	96	EF075661	431	0.0	Uncultured Planctomycetacia bacterium clone GASP-WD0S3_F06	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
119-MIADJ1F02	93	EF073798	592	0.0	Uncultured planctomycete clone GASP-WB1W3_G02	Diversidade bacteriana em solos de pastagem e agricultura- Piedmont EUA – Jangid,K. et al.,2006
120-MIADJ1G02	96	DQ128519	569	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT CU03_F12	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
121-MIADJ2B11	99	EF417788	447	0.0	Uncultured actinobacterium clone LF099	Acidobacterias - Zhou,J.P. et al., 2007
122-MIADJ1A07	96	EF516930	546	0.0	Uncultured bacterium clone FCPN502	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
123-MIADJ1H08	94	EF019592	452	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1113	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
124-MIADJ1A03	96	EF614039	510	0.0	Uncultured bacterium clone NGD20	Diversidade bacteriana de várzea de arroz -Kim,M.C. and Ka,J.O., 2007
125-MIADJ2A12	97	AY963387	517	0.0	Uncultured bacterium clone AS18	Comunidades bacterianas em solos de floresta – China -Chan,O.C. et al., 2006
126-MIADJ3G08	97	EF019592	427	0.0	Uncultured bacterium clone Elev_16S_1113 sequence97	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
127-MIADJ2F03	94	AF432716	415	1e-177	Uncultured bacterium clone C17.55WL	Diversidade bacteriana floresta da Colômbia-Chow,M.L. et al., 2004

Anexo A – Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica, com as amostras depositadas no GeneBank utilizando o programa Blast

(conclusão)

Filotipo/Clone	ID %	No. acesso	pb	evalue	Organismo	Ambiente – Autor
128-MIADJ1D04	99	DQ128543	501	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NF51_D05	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
129-MIADJ1H04	95	DQ395984	459	0.0	Uncultured organism clone ctg_CGOGA62	Penn,K. et al., 2006
130-MIADJ1H05	96	EF516621	439	0.0	Uncultured bacterium clone FCPU392	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
131-MIADJ1A08	97	EF516594	587	0.0	Uncultured bacterium clone FCPO730	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
132-MIADJ1B11	96	EF494340	448	0.0	Uncultured bacterium clone NR.035	Diversidade microbiana de solo – Macalady,J.L. et al., 2007
133-MIADJ1D11	98	DQ128684	442	0.0	Uncultured soil bacterium clone HSB NT21_F11RU	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
134-MIADJ1E09	96	EF516526	523	0.0	Uncultured bacterium clone FCPP428	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
135-MIADJ2A01	98	DQ663840	518	0.0	Uncultured bacterium clone 5V63	Comunidades microbianas-sedimentos contaminados petróleo-Allen,J.P. et al., 2007
136-MIADJ2B02	96	DQ154536	482	0.0	Uncultured soil bacterium clone RFS-C220	Bacteria de solo -Becker,J.M. et al., 2005
137-MIADJ2C10	94	AY913709	503	0.0	Uncultured forest soil bacterium clone DUNssu624	Diversidade bacteriana solo de floresta – Alemanha -Roesch,C. et al.,2005
138-MIADJ2E01	98	EF018425	403	0.0	Uncultured bacterium clone Amb_16S_1044	Diversidade bacteriana solo – Aspen -Lesaulnier,C.C. et al., 2007
139-MIADJ3D03	96	EF516854	482	0.0	Uncultured bacterium clone FCPS659	Comunidade microbiana solo da Califórnia-Cruz,K. et al.,2007
140-MIADJ3H02	98	DQ129135	554	0.0	Uncultured soil bacterium clone CWT ST01_B02	Comunidades bacterianas em solos de floresta-Upchurch,R. et al., 2006
141-MIADJ3B08	99	DQ643749	576	0.0	Uncultured soil bacterium clone W4Ba88	Diversidade microbiana de solo – Lueders,T. et al., 2006

BITPA – Lagoa Balbina Terra Preta Antropogênica; BIADJ – Lagoa Balbina Adjacente; MITPA – Floresta Nacional de Caxiuanã – Mina I Terra Preta Antropogênica; MIADJ – Floresta Nacional de Caxiuanã – Mina I Adjacente; ID %: Valor de identidade entre as sequencias estudadas e a identidade de maior similaridade no banco de dados; No. Acesso: Número de acesso das seqüências de maior similaridade no banco de dados; pb: Tamanho em pares de base de cada clone; e-value: e-value entre as seqüências estudadas e a de maior similaridade no banco de dados.

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continua)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Familia		Genero	
BITPA1A01	Proteobacteria	43%	Deltaproteobacteria	39%	Myxococcales	36%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	34%
BITPA1A02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	95%
BITPA1A03	Proteobacteria	95%	Deltaproteobacteria	95%	Syntrophobacterales	52%	Syntrophaceae	43%	Smithella	40%
BITPA1A04	Acidobacteria	83%	Acidobacteria	83%	Acidobacteriales	83%	Acidobacteriaceae	83%	Acidobacterium	82%
BITPA1A06	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA1A07	Acidobacteria	39%	Acidobacteria	39%	Acidobacteriales	39%	Acidobacteriaceae	39%	Holophaga	23%
BITPA1A08	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%
BITPA1A09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Paenibacillaceae	97%	Paenibacillus	97%
BITPA1A12	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	96%	Bradyrhizobiaceae	46%	Agromonas	24%
BITPA1B01	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Planococcaceae	62%	Kurthia	62%
BITPA1B03	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
BITPA1B04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	97%
BITPA1B05	Proteobacteria	35%	Alphaproteobacteria	15%	Rhodospirillales	14%	Acetobacteraceae	11%	Teichococcus	4%
BITPA1B07	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	96%	Burkholderiales	78%	Incertae sedis 5	33%	Thiobacter	17%
BITPA1B08	Acidobacteria	49%	Acidobacteria	49%	Acidobacteriales	49%	Acidobacteriaceae	49%	Acidobacterium	44%
BITPA1B09	Verrucomicrobia	99%	Verrucomicrobiae	99%	Verrucomicrobiales	99%	Verrucomicrobiaceae	90%	Verrucomicrobium	90%
BITPA1B10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%
BITPA1B12	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA1C01	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA1C02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA1C04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	92%
BITPA1C05	Proteobacteria	90%	Deltaproteobacteria	65%	Myxococcales	34%	Cystobacterineae	24%	Cystobacteraceae	22%
BITPA1C06	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%
BITPA1C07	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	83%
BITPA1C09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA1C10	Firmicutes	34%	Clostridia	33%	Clostridiales	33%	Clostridiaceae	26%	Thermobrachium	12%
BITPA1D01	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	99%	Bacillaceae	96%	Bacillus	91%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Familia	Genero
BITPA1D02	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1D04	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Paraliobacillus
BITPA1D05	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Verrucomicrobium
BITPA1D06	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1D07	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1D08	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus
BITPA1D10	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1D12	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1E01	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Methylocapsa
BITPA1E02	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Acidaminococcaceae	Papillibacter
BITPA1E04	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Angulomicrobium
BITPA1E05	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Chromatiales	Ectothiorhodospiraceae	Nitrococcus
BITPA1E06	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1E07	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Chromatiales	Ectothiorhodospiraceae	Thiorhodospira
BITPA1E09	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Labrys
BITPA1E10	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1E12	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophaceae	Smithella
BITPA1F01	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1F02	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
BITPA1F04	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Rhodoplanes
BITPA1F05	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Paraliobacillus
BITPA1F06	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus
BITPA1F07	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Verrucomicrobium
BITPA1F09	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Roseococcus
BITPA1F10	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1G01	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Verrucomicrobium
BITPA1G02	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Paenibacillaceae	Paenibacillus
BITPA1G04	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfuromonales	Desulfuromonaceae	Malonomonas
BITPA1G05	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1G06	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1G07	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinobacteridae	Actinomycetales	Streptomycineae
BITPA1G10	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA1H05	Thermomicrobia	Thermomicrobia	Thermomicrobiales	Thermomicrobiaceae	Thermomicrobium
BITPA1H08	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Familia	Genero					
BITPA2A02	Proteobacteria	44%	Gammaproteobacteria	31%	Xanthomonadales	26%	Xanthomonadaceae	26%	Hydrocarboniphaga	17%
BITPA2A03	Firmicutes	90%	Bacilli	82%	Bacillales	82%	Bacillaceae	82%	Paraliobacillus	36%
BITPA2A04	Actinobacteria	100%	Actinobacteria	100%	Actinobacteridae	100%	Actinomycetales	100%	Streptomycineae	100%
BITPA2A05	Firmicutes	43%	Clostridia	43%	Clostridiales	42%	Peptococcaceae	20%	Pelotomaculum	19%
BITPA2A06	Verrucomicrobia	53%	Verrucomicrobiae	53%	Verrucomicrobiales	53%	Verrucomicrobiaceae	32%	Verrucomicrobium	31%
BITPA2A07	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Methylophilales	75%	Methylophilaceae	75%	Methylobacillus	69%
BITPA2A09	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	95%	Methylocystaceae	44%	Methylosinus	28%
BITPA2A10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2A11	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2A12	Gemmatimonadetes	87%	Gemmatimonadetes	87%	Gemmatimonadales	87%	Gemmatimonadaceae	87%	Gemmatimonas	87%
BITPA2B01	Gemmatimonadetes	94%	Gemmatimonadetes	94%	Gemmatimonadales	94%	Gemmatimonadaceae	94%	Gemmatimonas	94%
BITPA2B02	Thermomicrobia	48%	Thermomicrobia	48%	Thermomicrobiales	48%	Thermomicrobiaceae	48%	Thermomicrobium	48%
BITPA2B03	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	84%
BITPA2B04	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	100%	Pedomicrobium	97%
BITPA2B05	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2B06	Firmicutes	26%	Clostridia	26%	Thermoanaerobacteriales	24%	Thermodesulfobiaceae	22%	Thermodesulfobium	22%
BITPA2B07	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	14%	Cystobacterineae	14%	Myxococcaceae	11%
BITPA2B08	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	96%	Bacillus	93%
BITPA2B10	Verrucomicrobia	87%	Verrucomicrobiae	87%	Verrucomicrobiales	87%	Xiphinematobacteriaceae	54%	Xiphinematobacter	54%
BITPA2B11	Proteobacteria	47%	Deltaproteobacteria	22%	Myxococcales	10%	Cystobacterineae	9%	Cystobacteraceae	9%
BITPA2B12	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	96%
BITPA2C01	Nitrospira	52%	Nitrospira	52%	Nitrospirales	52%	Nitrospiraceae	52%	Nitrospira	52%
BITPA2C02	Lentisphaerae	39%	Lentisphaerae	39%	Victivallales	25%	Victivallaceae	25%	Victivallis	25%
BITPA2C03	Firmicutes	32%	Bacilli	20%	Bacillales	20%	Bacillaceae	11%	Saccharococcus	6%
BITPA2C04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	98%	Bacillus	82%
BITPA2C09	Thermomicrobia	47%	Thermomicrobia	47%	Thermomicrobiales	47%	Thermomicrobiaceae	47%	Thermomicrobium	47%
BITPA2C12	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2D01	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	96%	Bacillus	93%
BITPA2D02	Verrucomicrobia	99%	Verrucomicrobiae	99%	Verrucomicrobiales	99%	Verrucomicrobiaceae	79%	Verrucomicrobium	79%
BITPA2D03	Firmicutes	24%	Clostridia	24%	Thermoanaerobacteriales	22%	Thermodesulfobiaceae	22%	Thermodesulfobium	22%
BITPA2D04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2D09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	95%	Bacillaceae	86%	Paraliobacillus	49%
BITPA2E01	Proteobacteria	41%	Deltaproteobacteria	38%	Myxococcales	36%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	34%
BITPA2E02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Familia		Genero	
BITPA2E03	Proteobacteria	73%	Deltaproteobacteria	59%	Desulfurellales	42%	Desulfurellaceae	42%	Hippea	42%
BITPA2E04	Verrucomicrobia	100%	Verrucomicrobiae	100%	Verrucomicrobiales	100%	Xiphinematobacteriaceae	82%	Xiphinematobacter	82%
BITPA2E09	Verrucomicrobia	86%	Verrucomicrobiae	86%	Verrucomicrobiales	86%	Verrucomicrobiaceae	43%	Verrucomicrobium	43%
BITPA2E10	Verrucomicrobia	94%	Verrucomicrobiae	94%	Verrucomicrobiales	94%	Verrucomicrobiaceae	56%	Verrucomicrobium	56%
BITPA2F01	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2F02	Gemmatimonadetes	99%	Gemmatimonadetes	99%	Gemmatimonadales	99%	Gemmatimonadaceae	99%	Gemmatimonas	99%
BITPA2F08	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2G01	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	93%	Methylocystaceae	47%	Methylocystis	26%
BITPA2G02	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	98%	Hyphomicrobiaceae	91%	Blastochloris	91%
BITPA2G03	Firmicutes	40%	Clostridia	40%	Clostridiales	36%	Clostridiaceae	12%	Faecalibacterium	7%
BITPA2H01	Proteobacteria	56%	Deltaproteobacteria	27%	Syntrophobacterales	15%	Syntrophobacteraceae	15%	Desulfovira	13%
BITPA2H02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA2H09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	98%
BITPA3A01	Acidobacteria	78%	Acidobacteria	78%	Acidobacteriales	78%	Acidobacteriaceae	78%	Holophaga	49%
BITPA3A02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%
BITPA3A03	Acidobacteria	49%	Acidobacteria	49%	Acidobacteriales	49%	Acidobacteriaceae	49%	Acidobacterium	45%
BITPA3A04	Acidobacteria	67%	Acidobacteria	67%	Acidobacteriales	67%	Acidobacteriaceae	67%	Acidobacterium	62%
BITPA3A05	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA3A06	Gemmatimonadetes	96%	Gemmatimonadetes	96%	Gemmatimonadales	96%	Gemmatimonadaceae	96%	Gemmatimonas	96%
BITPA3A07	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	98%
BITPA3A08	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	37%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	18%	Cystobacteraceae	18%
BITPA3A09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA3A10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	94%
BITPA3A11	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	90%
BITPA3A12	Proteobacteria	51%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	15%	Cystobacterineae	14%	Cystobacteraceae	13%
BITPA3B01	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	36%	Myxococcales	14%	Cystobacterineae	14%	Cystobacteraceae	14%
BITPA3B02	Acidobacteria	56%	Acidobacteria	56%	Acidobacteriales	56%	Acidobacteriaceae	56%	Geothrix	31%
BITPA3B03	Acidobacteria	50%	Acidobacteria	50%	Acidobacteriales	50%	Acidobacteriaceae	50%	Acidobacterium	47%
BITPA3B04	Acidobacteria	57%	Acidobacteria	57%	Acidobacteriales	57%	Acidobacteriaceae	57%	Holophaga	48%
BITPA3B05	Verrucomicrobia	99%	Verrucomicrobiae	99%	Verrucomicrobiales	99%	Verrucomicrobiaceae	59%	Verrucomicrobium	59%
BITPA3B06	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	98%	Burkholderiales	97%	Comamonadaceae	53%	Caenibacterium	53%
BITPA3B08	Acidobacteria	79%	Acidobacteria	79%	Acidobacteriales	79%	Acidobacteriaceae	79%	Holophaga	46%
BITPA3B09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA3B10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	98%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Familia		Genero	
BITPA3B11	Acidobacteria	81%	Acidobacteria	81%	Acidobacteriales	81%	Acidobacteriaceae	81%	Geothrix	44%
BITPA3C01	Acidobacteria	38%	Acidobacteria	38%	Acidobacteriales	38%	Acidobacteriaceae	38%	Holophaga	24%
BITPA3C02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	98%
BITPA3C03	Firmicutes	51%	Clostridia	50%	Clostridiales	26%	Peptococcaceae	10%	Cryptanaerobacter	6%
BITPA3C04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Paenibacillaceae	100%	Paenibacillus	99%
BITPA3C06	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	25%	Myxococcales	22%	Nannocystineae	16%	Nannocystaceae	16%
BITPA3C07	Firmicutes	46%	Clostridia	45%	Clostridiales	43%	Clostridiaceae	31%	Thermobrachium	19%
BITPA3C08	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	32%	Syntrophobacteriales	23%	Syntrophobacteraceae	23%	Desulforhabdus	16%
BITPA3C09	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	23%	Bdellovibrionales	11%	Bacteriovoracaceae	11%	Peredibacter	11%
BITPA3C11	Acidobacteria	55%	Acidobacteria	55%	Acidobacteriales	55%	Acidobacteriaceae	55%	Acidobacterium	50%
BITPA3C12	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%
BITPA3D02	Verrucomicrobia	97%	Verrucomicrobiae	97%	Verrucomicrobiales	97%	Verrucomicrobiaceae	62%	Verrucomicrobium	62%
BITPA3D03	Acidobacteria	42%	Acidobacteria	42%	Acidobacteriales	42%	Acidobacteriaceae	42%	Holophaga	22%
BITPA3D04	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	93%	Rhodobiaceae	43%	Rhodobium	43%
BITPA3D05	Proteobacteria	71%	Deltaproteobacteria	50%	Syntrophobacteriales	23%	Syntrophobacteraceae	19%	Desulforhabdus	11%
BITPA3D06	Proteobacteria	44%	Alphaproteobacteria	17%	Rhodospirillales	12%	Acetobacteraceae	8%	Craurococcus	5%
BITPA3D07	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA3D08	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BITPA3D09	Proteobacteria	47%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	12%	Cystobacterineae	11%	Cystobacteraceae	11%
BITPA3D10	Thermomicrobia	42%	Thermomicrobia	42%	Thermomicrobiales	42%	Thermomicrobiaceae	42%	Thermomicrobium	42%
BITPA3D11	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	99%
BITPA3D12	Acidobacteria	47%	Acidobacteria	47%	Acidobacteriales	47%	Acidobacteriaceae	47%	Acidobacterium	43%
BITPA3E01	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	97%
BITPA3E02	Proteobacteria	41%	Betaproteobacteria	26%	Burkholderiales	22%	Comamonadaceae	15%	Caldimonas	15%
BITPA3E03	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	98%
BITPA3E04	Firmicutes	37%	Clostridia	37%	Clostridiales	33%	Clostridiaceae	18%	Faecalibacterium	13%
BITPA3E05	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Holophaga	27%
BITPA3E06	Proteobacteria	34%	Deltaproteobacteria	18%	Myxococcales	8%	Cystobacterineae	8%	Cystobacteraceae	8%
BITPA3E07	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	98%
BITPA3E08	Acidobacteria	53%	Acidobacteria	53%	Acidobacteriales	53%	Acidobacteriaceae	53%	Acidobacterium	43%
BITPA3E09	Thermomicrobia	42%	Thermomicrobia	42%	Thermomicrobiales	42%	Thermomicrobiaceae	42%	Thermomicrobium	42%
BITPA3E10	Acidobacteria	52%	Acidobacteria	52%	Acidobacteriales	52%	Acidobacteriaceae	52%	Acidobacterium	31%
BITPA3E11	Acidobacteria	46%	Acidobacteria	46%	Acidobacteriales	46%	Acidobacteriaceae	46%	Acidobacterium	43%
BITPA3E12	Acidobacteria	44%	Acidobacteria	44%	Acidobacteriales	44%	Acidobacteriaceae	44%	Acidobacterium	35%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Familia	Genero
BITPA3F01	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3F02	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Bdellovibrionales	Bacteriovoraceae	Peredibacter
BITPA3F03	Proteobacteria	Epsilonproteobacteria	Nautiliales	Nautiliaceae	Lebetimonas
BITPA3F04	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfobacterales	Desulfobacteraceae	Desulforegula
BITPA3F05	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
BITPA3F06	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Faecalibacterium
BITPA3F07	Thermomicrobia	Thermomicrobia	Thermomicrobiales	Thermomicrobiaceae	Thermomicrobium
BITPA3F08	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophaceae	Desulfohalobacter
BITPA3F09	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Parasporobacterium
BITPA3F10	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3F11	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3F12	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3G01	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Incertae sedis 5	Rubrivivax
BITPA3G02	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
BITPA3G03	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	Gemmatimonas
BITPA3G05	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3G06	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
BITPA3G07	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3G08	Genera_incertae_sedis_OP10	OP10			
BITPA3G09	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
BITPA3G10	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptococcaceae	Thermoterrabacterium
BITPA3G11	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	Bradyrhizobium
BITPA3G12	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Chromatiales	Chromatiaceae	Thiorhodococcus
BITPA3H01	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Teichococcus
BITPA3H02	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	Verrucomicrobium
BITPA3H03	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
BITPA3H04	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
BITPA3H05	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
BITPA3H06	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3H07	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
BITPA3H08	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
BITPA3H09	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
BITPA3H10	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	Bacillus
BITPA3H11	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Familia		Genero	
BIADJ1A01	Firmicutes	52%	Clostridia	52%	Clostridiales	45%	Clostridiaceae	25%	Faecalibacterium	20%
BIADJ1A03	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	58%	Hypomicrobiaceae	29%	Rhodoplanes	13%
BIADJ1A04	Firmicutes	37%	Clostridia	37%	Clostridiales	31%	Clostridiaceae	21%	Faecalibacterium	7%
BIADJ1A05	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	98%
BIADJ1A06	Proteobacteria	78%	Deltaproteobacteria	62%	Desulfuromonales	22%	Geobacteraceae	17%	Trichlorobacter	17%
BIADJ1A07	Proteobacteria	43%	Deltaproteobacteria	36%	Myxococcales	34%	Cystobacterineae	33%	Cystobacteraceae	32%
BIADJ1A08	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	85%	Legionellales	71%	Coxiellaceae	71%	Rickettsiella	51%
BIADJ1A09	Proteobacteria	83%	Alphaproteobacteria	35%	Rhodospirillales	14%	Rhodospirillaceae	14%	Tistrella	13%
BIADJ1A10	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	38%	Myxococcales	30%	Cystobacterineae	22%	Cystobacteraceae	22%
BIADJ1A11	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
BIADJ1A12	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	26%	Cystobacterineae	25%	Cystobacteraceae	25%
BIADJ1B01	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Bradyrhizobiaceae	100%	Afipia	52%
BIADJ1B02	Acidobacteria	39%	Acidobacteria	39%	Acidobacteriales	39%	Acidobacteriaceae	39%	Acidobacterium	38%
BIADJ1B03	Firmicutes	42%	Clostridia	41%	Clostridiales	39%	Clostridiaceae	27%	Caminicella	12%
BIADJ1B04	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	30%	Syntrophobacteriales	25%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulfurhabdus	13%
BIADJ1B05	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
BIADJ1B07	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	84%	Legionellales	68%	Coxiellaceae	68%	Rickettsiella	49%
BIADJ1B08	Thermomicrobia	40%	Thermomicrobia	40%	Thermomicrobiales	40%	Thermomicrobiaceae	40%	Thermomicrobium	40%
BIADJ1B09	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	100%	Burkholderiaceae	100%	Burkholderia	100%
BIADJ1B10	Acidobacteria	27%	Acidobacteria	27%	Acidobacteriales	27%	Acidobacteriaceae	27%	Acidobacterium	27%
BIADJ1B11	Proteobacteria	92%	Deltaproteobacteria	91%	Desulfurellales	77%	Desulfurellaceae	77%	Hippea	77%
BIADJ1B12	Proteobacteria	43%	Deltaproteobacteria	37%	Myxococcales	35%	Cystobacterineae	35%	Cystobacteraceae	34%
BIADJ1C01	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	30%	Cystobacterineae	27%	Cystobacteraceae	27%
BIADJ1C02	Firmicutes	63%	Clostridia	61%	Clostridiales	56%	Lachnospiraceae	38%	Catonella	23%
BIADJ1C03	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	25%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	15%	Cystobacteraceae	14%
BIADJ1C04	Firmicutes	34%	Clostridia	34%	Clostridiales	21%	Peptococcaceae	16%	Pelotomaculum	13%
BIADJ1C05	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
BIADJ1C06	Proteobacteria	42%	Betaproteobacteria	24%	Burkholderiales	19%	Alcaligenaceae	15%	Sutterella	15%
BIADJ1C07	Proteobacteria	81%	Deltaproteobacteria	69%	Desulfurellales	44%	Desulfurellaceae	44%	Hippea	44%
BIADJ1C08	Acidobacteria	45%	Acidobacteria	45%	Acidobacteriales	45%	Acidobacteriaceae	45%	Acidobacterium	45%
BIADJ1C09	Proteobacteria	59%	Deltaproteobacteria	57%	Myxococcales	54%	Cystobacterineae	52%	Cystobacteraceae	51%
BIADJ1C10	Proteobacteria	100%	ammaproteobacteria	89%	Legionellales	63%	Coxiellaceae	63%	Rickettsiella	45%
BIADJ1C11	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	46%	Syntrophobacteriales	25%	Syntrophobacteraceae	24%	Desulfurhabdus	16%
BIADJ1D01	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	100%	Legionellales	100%	Coxiellaceae	100%	Aquicella	100%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
BIADJ1D02	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	42%	Myxococcales	37%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	34%
BIADJ1D03	Proteobacteria	73%	Alphaproteobacteria	70%	Rhizobiales	70%	Methylobacteriaceae	55%	Microvirga	55%
BIADJ1D05	Proteobacteria	77%	Deltaproteobacteria	58%	Desulfurellales	25%	Desulfurellaceae	25%	Hippea	25%
BIADJ1D06	Proteobacteria	31%	Deltaproteobacteria	13%	Myxococcales	8%	Nannocystineae	6%	Nannocystaceae	6%
BIADJ1D07	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	100%	Burkholderiaceae	100%	Burkholderia	100%
BIADJ1D08	Firmicutes	46%	Clostridia	44%	Thermoanaerobacteriales	29%	Thermoanaerobacteriaceae	29%	Thermacetogenium	26%
BIADJ1D09	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	46%	Myxococcales	41%	Cystobacterineae	37%	Cystobacteraceae	37%
BIADJ1D10	Firmicutes	41%	Clostridia	41%	Clostridiales	27%	Clostridiaceae	20%	Thermobrachium	11%
BIADJ1D11	Proteobacteria	68%	Deltaproteobacteria	49%	Syntrophobacteriales	14%	Syntrophaceae	14%	Desulfobacca	8%
BIADJ1E01	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	31%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	17%	Cystobacteraceae	17%
BIADJ1E02	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Acidobacterium	60%
BIADJ1E03	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	45%	Syntrophobacteriales	33%	Syntrophobacteraceae	33%	Desulforhabdus	18%
BIADJ1E04	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	35%	Desulfobacteriales	10%	Desulfobulbaceae	7%	Desulfofustis	6%
BIADJ1E05	Proteobacteria	43%	Gammaproteobacteria	18%	Aeromonadales	6%	Aeromonadaceae	6%	Oceanisphaera	6%
BIADJ1E06	Proteobacteria	77%	Deltaproteobacteria	69%	Desulfurellales	41%	Desulfurellaceae	41%	Hippea	41%
BIADJ1E07	Proteobacteria	88%	Deltaproteobacteria	84%	Desulfurellales	67%	Desulfurellaceae	67%	Hippea	67%
BIADJ1E08	Proteobacteria	57%	Deltaproteobacteria	33%	Myxococcales	24%	Cystobacterineae	23%	Cystobacteraceae	23%
BIADJ1E10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ1E11	Proteobacteria	71%	Deltaproteobacteria	58%	Myxococcales	26%	Cystobacterineae	26%	Cystobacteraceae	23%
BIADJ1F01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ1F02	Verrucomicrobia	98%	Verrucomicrobiae	98%	Verrucomicrobiales	98%	Xiphinematobacteriaceae	87%	Xiphinematobacter	87%
BIADJ1F03	Acidobacteria	44%	Acidobacteria	44%	Acidobacteriales	44%	Acidobacteriaceae	44%	Acidobacterium	44%
BIADJ1F04	Proteobacteria	94%	Deltaproteobacteria	92%	Desulfurellales	73%	Desulfurellaceae	73%	Hippea	73%
BIADJ1F05	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	20%	Syntrophobacteriales	16%	Syntrophobacteraceae	15%	Thermodesulforhabdus	9%
BIADJ1F06	Firmicutes	43%	Clostridia	42%	Clostridiales	41%	Lachnospiraceae	17%	Catonella	17%
BIADJ1F08	Proteobacteria	29%	Deltaproteobacteria	15%	Myxococcales	10%	Cystobacterineae	5%	Cystobacteraceae	5%
BIADJ1F09	Proteobacteria	36%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	31%	Cystobacterineae	30%	Cystobacteraceae	30%
BIADJ1F10	Firmicutes	44%	Clostridia	44%	Clostridiales	24%	Peptococcaceae	12%	Pelotomaculum	11%
BIADJ1F11	Proteobacteria	41%	Deltaproteobacteria	27%	Syntrophobacteriales	23%	Syntrophobacteraceae	23%	Desulforhabdus	12%
BIADJ1G01	Proteobacteria	24%	Deltaproteobacteria	15%	Myxococcales	8%	Cystobacterineae	7%	Cystobacteraceae	5%
BIADJ1G02	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	27%	Myxococcales	22%	Cystobacterineae	15%	Cystobacteraceae	15%
BIADJ1G03	Firmicutes	32%	Clostridia	30%	Clostridiales	26%	Clostridiaceae	21%	Thermobrachium	11%
BIADJ1G04	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	37%	Blastochloris	32%
BIADJ1G05	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	100%	Legionellales	100%	Coxiellaceae	100%	Aquicella	100%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero
BIADJ1G06	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Caryophanaceae	Caryophanon
BIADJ1G07	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfurellales	Desulfurellaceae	Hippea
BIADJ1G08	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia
BIADJ1G09	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
BIADJ1G10	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	Burkholderia
BIADJ1G11	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
BIADJ1H01	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	Methylocapsa
BIADJ1H02	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Rhodoplanes
BIADJ1H03	Spirochaetes	Spirochaetes	Spirochaetales	Leptospiraceae	Leptonema
BIADJ1H04	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Nannocystineae	Nannocystaceae
BIADJ1H05	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfuromonales	Desulfuromonaceae	Malonomonas
BIADJ1H06	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfurellales	Desulfurellaceae	Hippea
BIADJ1H07	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
BIADJ1H08	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	Rhodoplanes
BIADJ1H09	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophobacteraceae	Thermodesulforhabdus
BIADJ1H10	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Nannocystineae	Nannocystaceae
BIADJ1H11	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptococcaceae	Pelotomaculum
BIADJ2A01	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Camnicella
BIADJ2A02	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Catonella
BIADJ2A03	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophobacteraceae	Desulforhabdus
BIADJ2A04	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Craurococcus
BIADJ2A05	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Inquilinus
BIADJ2A07	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
BIADJ2A08	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Methylobacteriaceae	Microvirga
BIADJ2A09	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	Sutterella
BIADJ2A10	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Xiphinematobacteriaceae	Xiphinematobacter
BIADJ2A11	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Caryophanaceae	Caryophanon
BIADJ2A12	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Opitutaceae	Opitutus
BIADJ2B01	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophobacteraceae	Desulfovira
BIADJ2B02	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophobacteraceae	Thermodesulforhabdus
BIADJ2B03	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfurellales	Desulfurellaceae	Hippea
BIADJ2B04	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfurellales	Desulfurellaceae	Hippea
BIADJ2B05	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophobacteraceae	Desulfovira
BIADJ2B06	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
BIADJ2B07	Proteobacteria	56%	Deltaproteobacteria	48%	Syntrophobacterales	31%	Syntrophobacteraceae	31%	Desulfurhabdus	12%
BIADJ2B08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ2B09	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	54%	Rhizobiales	34%	Methylobacteriaceae	19%	Microvirga	19%
BIADJ2B10	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	43%	Myxococcales	41%	Cystobacterineae	28%	Cystobacteraceae	28%
BIADJ2B11	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	47%	Myxococcales	44%	Cystobacterineae	35%	Cystobacteraceae	34%
BIADJ2B12	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	31%	Syntrophobacterales	26%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulfovira	12%
BIADJ2C01	Proteobacteria	36%	Deltaproteobacteria	25%	Syntrophobacterales	15%	Syntrophobacteraceae	15%	Desulfurhabdus	11%
BIADJ2C02	Firmicutes	31%	Clostridia	31%	Clostridiales	27%	Lachnospiraceae	13%	Oribacterium	8%
BIADJ2C03	Chloroflexi	38%	Chloroflexi	37%	Chloroflexales	37%	Chloroflexaceae	37%	Roseiflexus	37%
BIADJ2C04	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	42%	Myxococcales	40%	Cystobacterineae	40%	Cystobacteraceae	40%
BIADJ2C05	Acidobacteria	79%	Acidobacteria	79%	Acidobacteriales	79%	Acidobacteriaceae	79%	Acidobacterium	73%
BIADJ2C06	Proteobacteria	32%	Deltaproteobacteria	15%	Syntrophobacterales	15%	Syntrophobacteraceae	14%	Desulfovira	6%
BIADJ2C07	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	62%	Rhodoplanes	60%
BIADJ2C08	Firmicutes	98%	Clostridia	98%	Clostridiales	97%	Acidaminococcaceae	96%	Anaerococcus	63%
BIADJ2C09	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ2C10	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	32%	Cystobacterineae	22%	Cystobacteraceae	20%
BIADJ2C11	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BIADJ2C12	Proteobacteria	56%	Deltaproteobacteria	50%	Myxococcales	46%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	32%
BIADJ2D01	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Acidobacterium	61%
BIADJ2D03	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ2D04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Alicyclobacillaceae	100%	Alicyclobacillus	84%
BIADJ2D05	Proteobacteria	44%	Gammaproteobacteria	17%	Chromatiales	14%	Chromatiaceae	12%	Thiorhodococcus	7%
BIADJ2D06	Proteobacteria	37%	Deltaproteobacteria	22%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	11%	Cystobacteraceae	11%
BIADJ2D07	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	42%	Syntrophobacterales	17%	Syntrophaceae	16%	Smithella	15%
BIADJ2D08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ2D09	Proteobacteria	49%	Gammaproteobacteria	17%	Chromatiales	14%	Ectothiorhodospiraceae	9%	Thiorhodospira	7%
BIADJ2D11	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
BIADJ2D12	Firmicutes	55%	Clostridia	41%	Thermoanaerobacteriales	37%	Thermoanaerobacteriaceae	37%	Gelria	33%
BIADJ2E02	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	23%	Cystobacterineae	13%	Cystobacteraceae	13%
BIADJ2E03	Acidobacteria	88%	Acidobacteria	88%	Acidobacteriales	88%	Acidobacteriaceae	88%	Acidobacterium	88%
BIADJ2E04	Nitrospira	94%	Nitrospira	94%	Nitrospirales	94%	Nitrospiraceae	94%	Nitrospira	94%
BIADJ2E05	Proteobacteria	57%	Deltaproteobacteria	53%	Myxococcales	45%	Cystobacterineae	44%	Cystobacteraceae	44%
BIADJ2E06	Proteobacteria	28%	Deltaproteobacteria	12%	Myxococcales	11%	Cystobacterineae	10%	Cystobacteraceae	10%
BIADJ2E07	Proteobacteria	37%	Deltaproteobacteria	18%	Syntrophobacterales	10%	Syntrophobacteraceae	10%	Thermodesulfurhabdus	5%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
BIADJ2E08	Spirochaetes	25%	Spirochaetes	25%	Spirochaetales	25%	Leptosiraceae	25%	Leptonema	25%
BIADJ2E09	Proteobacteria	29%	Deltaproteobacteria	18%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	15%	Cystobacteraceae	15%
BIADJ2E10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
BIADJ2E11	Acidobacteria	97%	Acidobacteria	97%	Acidobacteriales	97%	Acidobacteriaceae	97%	Acidobacterium	97%
BIADJ2E12	Proteobacteria	41%	Betaproteobacteria	29%	Burkholderiales	28%	Alcaligenaceae	13%	Sutterella	13%
BIADJ2F01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ2F02	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
BIADJ2F03	Acidobacteria	97%	Acidobacteria	97%	Acidobacteriales	97%	Acidobacteriaceae	97%	Acidobacterium	96%
BIADJ2F05	Proteobacteria	91%	Deltaproteobacteria	82%	Desulfurellales	36%	Desulfurellaceae	36%	Hippea	36%
BIADJ2F06	Firmicutes	50%	Clostridia	48%	Clostridiales	48%	Clostridiaceae	24%	Thermobrachium	14%
BIADJ2F07	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	24%	Cystobacterineae	18%	Cystobacteraceae	18%
BIADJ2F08	Proteobacteria	45%	Gammaproteobacteria	20%	Chromatiales	18%	Ectothiorhodospiraceae	12%	Thiorhodospira	11%
BIADJ2F09	Proteobacteria	44%	Betaproteobacteria	16%	Burkholderiales	16%	Alcaligenaceae	8%	Sutterella	8%
BIADJ2F10	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	84%	Oceanospirillales	36%	Hahellaceae	34%	Zooshikella	34%
BIADJ2F11	Acidobacteria	63%	Acidobacteria	63%	Acidobacteriales	63%	Acidobacteriaceae	63%	Acidobacterium	59%
BIADJ2F12	Spirochaetes	45%	Spirochaetes	45%	Spirochaetales	45%	Leptosiraceae	45%	Leptonema	45%
BIADJ2G02	Acidobacteria	38%	Acidobacteria	38%	Acidobacteriales	38%	Acidobacteriaceae	38%	Acidobacterium	38%
BIADJ2G03	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	96%	Hyphomicrobiaceae	74%	Filomicrobium	59%
BIADJ2G04	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	26%	Cystobacterineae	24%	Cystobacteraceae	24%
BIADJ2G05	Proteobacteria	37%	Alphaproteobacteria	17%	Rhodospirillales	11%	Rhodospirillaceae	8%	Tistrella	8%
BIADJ2G06	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	42%	Myxococcales	41%	Cystobacterineae	25%	Cystobacteraceae	24%
BIADJ2G07	Proteobacteria	91%	Alphaproteobacteria	89%	Rhizobiales	83%	Beijerinckiaceae	42%	Methylcapsa	41%
BIADJ2G08	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	34%	Desulfobacterales	13%	Desulfobulbaceae	9%	Desulfofustis	9%
BIADJ2G09	Proteobacteria	33%	Deltaproteobacteria	20%	Myxococcales	19%	Cystobacterineae	15%	Cystobacteraceae	14%
BIADJ2G10	Proteobacteria	64%	Deltaproteobacteria	52%	Syntrophobacteriales	36%	Syntrophobacteraceae	35%	Desulfurhabdus	22%
BIADJ2G11	Proteobacteria	25%	Alphaproteobacteria	10%	Rhodospirillales	5%	Acetobacteraceae	5%	Rhodopila	2%
BIADJ2G12	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	28%	Myxococcales	22%	Cystobacterineae	20%	Cystobacteraceae	20%
BIADJ2H01	Proteobacteria	95%	Deltaproteobacteria	91%	Desulfurellales	65%	Desulfurellaceae	65%	Hippea	65%
BIADJ2H02	Firmicutes	60%	Clostridia	56%	Clostridiales	55%	Lachnospiraceae	32%	Catonella	30%
BIADJ2H04	Firmicutes	27%	Clostridia	27%	Thermoanaerobacteriales	13%	Thermoanaerobacteriaceae	13%	Thermacetogenium	11%
BIADJ2H05	Firmicutes	41%	Clostridia	30%	Clostridiales	19%	Acidaminococcaceae	10%	Succiniclasticum	5%
BIADJ2H06	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ2H07	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	96%	Hyphomicrobiaceae	73%	Filomicrobium	70%
BIADJ2H08	Chloroflexi	31%	Chloroflexi	31%	Chloroflexales	31%	Chloroflexaceae	31%	Roseiflexus	31%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
BIADJ2H09	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	96%
BIADJ2H10	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	70%	Rhodoplanes	65%
BIADJ2H11	Thermomicrobia	55%	Thermomicrobia	55%	Thermomicrobiales	55%	Thermomicrobiaceae	55%	Thermomicrobium	55%
BIADJ3A01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ3A02	Acidobacteria	45%	Acidobacteria	45%	Acidobacteriales	45%	Acidobacteriaceae	45%	Acidobacterium	45%
BIADJ3A03	Acidobacteria	63%	Acidobacteria	63%	Acidobacteriales	63%	Acidobacteriaceae	63%	Acidobacterium	63%
BIADJ3A04	Acidobacteria	65%	Acidobacteria	65%	Acidobacteriales	65%	Acidobacteriaceae	65%	Acidobacterium	64%
BIADJ3A05	Proteobacteria	98%	Alphaproteobacteria	98%	Rhodospirillales	80%	Acetobacteraceae	47%	Stella	46%
BIADJ3A06	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	45%	Desulfuromonales	20%	Desulfuromonaceae	19%	Malonomonas	19%
BIADJ3A07	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	44%	Syntrophobacteriales	35%	Syntrophobacteraceae	28%	Desulfovirga	23%
BIADJ3A08	Acidobacteria	92%	Acidobacteria	92%	Acidobacteriales	92%	Acidobacteriaceae	92%	Acidobacterium	92%
BIADJ3A09	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Acidobacterium	58%
BIADJ3A10	Proteobacteria	99%	Alphaproteobacteria	99%	Rhodospirillales	83%	Acetobacteraceae	44%	Stella	44%
BIADJ3A12	Verrucomicrobia	31%	Verrucomicrobiae	31%	Verrucomicrobiales	31%	Opitutaceae	30%	Opitutus	30%
BIADJ3B01	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	31%	Syntrophobacteriales	22%	Syntrophobacteraceae	21%	Desulforhabdus	10%
BIADJ3B02	Actinobacteria	34%	Actinobacteria	34%	Rubrobacteridae	26%	Rubrobacterales	26%	Rubrobacterineae	26%
BIADJ3B03	Firmicutes	35%	Clostridia	35%	Clostridiales	28%	Clostridiaceae	16%	Faecalibacterium	10%
BIADJ3B04	Proteobacteria	30%	Deltaproteobacteria	18%	Myxococcales	14%	Cystobacterineae	9%	Cystobacteraceae	8%
BIADJ3B05	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
BIADJ3B06	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	43%	Myxococcales	37%	Nannocystineae	27%	Nannocystaceae	27%
BIADJ3B07	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	41%	Syntrophobacteriales	20%	Syntrophobacteraceae	19%	Desulforhabdus	9%
BIADJ3B08	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	30%	Syntrophobacteriales	26%	Syntrophobacteraceae	26%	Desulfovirga	22%
BIADJ3B09	Firmicutes	42%	Clostridia	41%	Clostridiales	28%	Acidaminococcaceae	10%	Centipeda	6%
BIADJ3B10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ3B11	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
BIADJ3B12	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
BIADJ3C01	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	12%	Cystobacterineae	11%	Cystobacteraceae	11%
BIADJ3C02	Acidobacteria	48%	Acidobacteria	48%	Acidobacteriales	48%	Acidobacteriaceae	48%	Acidobacterium	48%
BIADJ3C03	Firmicutes	30%	Clostridia	29%	Clostridiales	23%	Clostridiaceae	11%	Faecalibacterium	6%
BIADJ3C04	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Beijerinckiaceae	95%	Methylocapsa	71%
BIADJ3C05	Acidobacteria	50%	Acidobacteria	50%	Acidobacteriales	50%	Acidobacteriaceae	50%	Acidobacterium	44%
BIADJ3C06	Firmicutes	51%	Clostridia	51%	Clostridiales	50%	Lachnospiraceae	26%	Catonella	24%
BIADJ3C07	Acidobacteria	45%	Acidobacteria	45%	Acidobacteriales	45%	Acidobacteriaceae	45%	Acidobacterium	45%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
BIADJ3C08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ3C09	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	91%	Hyphomicrobiaceae	81%	Filomicrobium	75%
BIADJ3C11	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	30%	Cystobacterineae	30%	Cystobacteraceae	28%
BIADJ3C12	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	40%	Syntrophobacterales	32%	Syntrophobacteraceae	32%	Desulforhabdus	22%
BIADJ3D01	Proteobacteria	47%	Deltaproteobacteria	40%	Myxococcales	28%	Cystobacterineae	18%	Cystobacteraceae	18%
BIADJ3D02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ3D04	Acidobacteria	97%	Acidobacteria	97%	Acidobacteriales	97%	Acidobacteriaceae	97%	Acidobacterium	94%
BIADJ3D05	Acidobacteria	49%	Acidobacteria	49%	Acidobacteriales	49%	Acidobacteriaceae	49%	Acidobacterium	48%
BIADJ3D06	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Acidobacterium	50%
BIADJ3D07	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ3D08	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	35%	Syntrophobacterales	23%	Syntrophobacteraceae	19%	Desulfovirga	10%
BIADJ3D11	Acidobacteria	59%	Acidobacteria	59%	Acidobacteriales	59%	Acidobacteriaceae	59%	Acidobacterium	54%
BIADJ3D12	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	44%	Desulfovibrionales	18%	Desulfovibrionaceae	17%	Lawsonia	17%
BIADJ3E01	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	27%	Myxococcales	22%	Cystobacterineae	14%	Cystobacteraceae	14%
BIADJ3E02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
BIADJ3E03	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
BIADJ3E04	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	22%	Cystobacterineae	22%	Cystobacteraceae	22%
BIADJ3E05	Acidobacteria	36%	Acidobacteria	36%	Acidobacteriales	36%	Acidobacteriaceae	36%	Acidobacterium	36%
BIADJ3E06	Proteobacteria	59%	Deltaproteobacteria	49%	Syntrophobacterales	34%	Syntrophobacteraceae	33%	Desulforhabdus	22%
BIADJ3E07	Proteobacteria	43%	Deltaproteobacteria	32%	Syntrophobacterales	26%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulforhabdus	18%
BIADJ3E08	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	44%	Myxococcales	41%	Cystobacterineae	41%	Cystobacteraceae	41%
BIADJ3E09	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	19%	Myxococcales	15%	Cystobacterineae	14%	Cystobacteraceae	14%
BIADJ3E10	Firmicutes	54%	Clostridia	53%	Clostridiales	53%	Lachnospiraceae	24%	Catonella	21%
BIADJ3E11	Firmicutes	35%	Clostridia	34%	Clostridiales	31%	Clostridiaceae	17%	Faecalibacterium	7%
BIADJ3E12	Proteobacteria	51%	Deltaproteobacteria	39%	Syntrophobacterales	33%	Syntrophobacteraceae	31%	Desulforhabdus	22%
BIADJ3F01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
BIADJ3F02	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	28%	Myxococcales	10%	Cystobacterineae	7%	Cystobacteraceae	7%
BIADJ3F03	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	27%	Syntrophobacterales	16%	Syntrophobacteraceae	16%	Desulforhabdus	9%
BIADJ3F04	Chloroflexi	40%	Anaerolineae	38%	Anaerolinales	38%	Anaerolineaceae	38%	Anaerolinea	38%
BIADJ3F05	Acidobacteria	43%	Acidobacteria	43%	Acidobacteriales	43%	Acidobacteriaceae	43%	Acidobacterium	42%
BIADJ3F06	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
BIADJ3F07	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	35%	Syntrophobacterales	27%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulforhabdus	14%
BIADJ3F08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
BIADJ3F10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
BIADJ3F12	Proteobacteria	64%	Deltaproteobacteria	55%	Syntrophobacterales	41%	Syntrophobacteraceae	41%	Desulfovirga	34%
BIADJ3G01	Firmicutes	22%	Clostridia	21%	Thermoanaerobacteriales	12%	Thermoanaerobacteriaceae	9%	Gelria	8%
BIADJ3G02	Acidobacteria	43%	Acidobacteria	43%	Acidobacteriales	43%	Acidobacteriaceae	43%	Acidobacterium	43%
BIADJ3G03	Thermomicrobia	60%	Thermomicrobia	60%	Thermomicrobiales	60%	Thermomicrobiaceae	60%	Thermomicrobium	60%
BIADJ3G04	Acidobacteria	52%	Acidobacteria	52%	Acidobacteriales	52%	Acidobacteriaceae	52%	Acidobacterium	48%
BIADJ3G06	Firmicutes	36%	Clostridia	35%	Clostridiales	30%	Acidaminococcaceae	11%	Allisonella	8%
BIADJ3G07	Actinobacteria	25%	Actinobacteria	25%	Rubrobacteridae	21%	Rubrobacterales	21%	Rubrobacterineae	21%
BIADJ3G08	Actinobacteria	25%	Actinobacteria	25%	Rubrobacteridae	19%	Rubrobacterales	19%	Rubrobacterineae	19%
BIADJ3G10	Acidobacteria	47%	Acidobacteria	47%	Acidobacteriales	47%	Acidobacteriaceae	47%	Acidobacterium	45%
BIADJ3G11	Acidobacteria	69%	Acidobacteria	69%	Acidobacteriales	69%	Acidobacteriaceae	69%	Acidobacterium	67%
BIADJ3G12	Proteobacteria	42%	Gammaproteobacteria	17%	Chromatiales	15%	Ectothiorhodospiraceae	15%	Alkalispirillum	7%
BIADJ3H01	Proteobacteria	55%	Deltaproteobacteria	42%	Syntrophobacterales	20%	Syntrophobacteraceae	18%	Desulforhabdus	8%
BIADJ3H02	Chloroflexi	38%	Anaerolineae	36%	Anaerolinales	36%	Anaerolineaceae	36%	Anaerolinea	36%
BIADJ3H03	Firmicutes	32%	Clostridia	31%	Clostridiales	25%	Clostridiaceae	15%	Faecalibacterium	7%
BIADJ3H04	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	36%	Syntrophobacterales	25%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulforhabdus	16%
BIADJ3H05	Acidobacteria	64%	Acidobacteria	64%	Acidobacteriales	64%	Acidobacteriaceae	64%	Acidobacterium	60%
BIADJ3H06	Acidobacteria	34%	Acidobacteria	34%	Acidobacteriales	34%	Acidobacteriaceae	34%	Acidobacterium	33%
BIADJ3H08	Proteobacteria	41%	Deltaproteobacteria	16%	Myxococcales	15%	Nannocystineae	10%	Nannocystaceae	10%
BIADJ3H09	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	24%	Syntrophobacterales	12%	Syntrophobacteraceae	11%	Desulfovirga	7%
BIADJ3H10	Acidobacteria	53%	Acidobacteria	53%	Acidobacteriales	53%	Acidobacteriaceae	53%	Acidobacterium	52%
BIADJ3H11	Acidobacteria	30%	Acidobacteria	30%	Acidobacteriales	30%	Acidobacteriaceae	30%	Acidobacterium	30%
MITPA1A01	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Geothrix	15%
MITPA1A02	Firmicutes	49%	Clostridia	46%	Clostridiales	29%	Acidaminococcaceae	18%	Acetonema	7%
MITPA1A03	Acidobacteria	59%	Acidobacteria	59%	Acidobacteriales	59%	Acidobacteriaceae	59%	Holophaga	42%
MITPA1A04	Acidobacteria	73%	Acidobacteria	73%	Acidobacteriales	73%	Acidobacteriaceae	73%	Holophaga	70%
MITPA1A05	Acidobacteria	37%	Acidobacteria	37%	Acidobacteriales	37%	Acidobacteriaceae	37%	Acidobacterium	36%
MITPA1A06	Proteobacteria	58%	Betaproteobacteria	30%	Burkholderiales	24%	Comamonadaceae	11%	Hylemonella	4%
MITPA1A07	Firmicutes	63%	Clostridia	57%	Thermoanaerobacteriales	37%	Thermoanaerobacteriaceae	37%	Thermanaeromonas	19%
MITPA1A08	Proteobacteria	82%	Deltaproteobacteria	73%	Myxococcales	26%	Cystobacterineae	23%	Cystobacteraceae	23%
MITPA1A09	Proteobacteria	62%	Deltaproteobacteria	23%	Desulfovibrionales	6%	Desulfohalobiaceae	6%	Desulfothermus	5%
MITPA1A10	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	22%	Syntrophobacterales	7%	Syntrophaceae	4%	Smithella	2%
MITPA1A11	Proteobacteria	45%	Alphaproteobacteria	20%	Rhodospirillales	16%	Rhodospirillaceae	14%	Inquilinus	12%
MITPA1A12	Proteobacteria	32%	Alphaproteobacteria	26%	Rhodospirillales	23%	Rhodospirillaceae	14%	Inquilinus	14%
MITPA1B01	Acidobacteria	52%	Acidobacteria	52%	Acidobacteriales	52%	Acidobacteriaceae	52%	Acidobacterium	42%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MITPA1B02	Proteobacteria	64%	Betaproteobacteria	25%	Burkholderiales	25%	Comamonadaceae	25%	Caldimonas	19%
MITPA1B03	Proteobacteria	48%	Gammaproteobacteria	26%	Chromatiales	13%	Chromatiaceae	11%	Thiorhodococcus	4%
MITPA1B04	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	19%	Desulfobacterales	6%	Desulfobacteraceae	6%	Desulforegula	3%
MITPA1B05	Proteobacteria	43%	Alphaproteobacteria	16%	Rhodospirillales	9%	Acetobacteraceae	6%	Craurococcus	4%
MITPA1B06	Proteobacteria	41%	Alphaproteobacteria	23%	Rhodospirillales	19%	Acetobacteraceae	19%	Craurococcus	18%
MITPA1B07	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MITPA1B08	Proteobacteria	61%	Deltaproteobacteria	37%	Desulfobacterales	15%	Desulfobacteraceae	13%	Desulforegula	9%
MITPA1B09	Acidobacteria	37%	Acidobacteria	37%	Acidobacteriales	37%	Acidobacteriaceae	37%	Holophaga	33%
MITPA1B10	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	34%	Bdellovibrionales	14%	Bacteriovoracaceae	13%	Peredibacter	13%
MITPA1B11	Firmicutes	38%	Clostridia	38%	Clostridiales	30%	Acidaminococcaceae	18%	Allisonella	12%
MITPA1B12	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	13%	Desulfuromonales	3%	Desulfuromonaceae	3%	Malonomonas	3%
MITPA1C01	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	97%	Hyphomicrobiaceae	93%	Pedomicrobium	71%
MITPA1C02	Firmicutes	56%	Clostridia	56%	Thermoanaerobacteriales	36%	Thermoanaerobacteriaceae	36%	Gelria	34%
MITPA1C03	Proteobacteria	56%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfovibrionales	9%	Desulfohalobiaceae	6%	Desulfothermus	4%
MITPA1C04	Acidobacteria	58%	Acidobacteria	58%	Acidobacteriales	58%	Acidobacteriaceae	58%	Holophaga	58%
MITPA1C05	Proteobacteria	88%	Deltaproteobacteria	87%	Syntrophobacterales	77%	Syntrophobacteraceae	66%	Desulfovirga	54%
MITPA1C06	Proteobacteria	76%	Deltaproteobacteria	61%	Syntrophobacterales	31%	Syntrophobacteraceae	26%	Desulforhabdus	14%
MITPA1C07	Proteobacteria	43%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfobacterales	12%	Desulfofubaceae	11%	Desulfofustis	11%
MITPA1C08	Acidobacteria	39%	Acidobacteria	39%	Acidobacteriales	39%	Acidobacteriaceae	39%	Acidobacterium	39%
MITPA1C09	Acidobacteria	41%	Acidobacteria	41%	Acidobacteriales	41%	Acidobacteriaceae	41%	Acidobacterium	36%
MITPA1C11	Acidobacteria	45%	Acidobacteria	45%	Acidobacteriales	45%	Acidobacteriaceae	45%	Holophaga	41%
MITPA1C12	Firmicutes	61%	Clostridia	60%	Thermoanaerobacteriales	33%	Thermoanaerobacteriaceae	33%	Gelria	32%
MITPA1D01	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	96%	Comamonadaceae	95%	Ramlibacter	78%
MITPA1D02	Firmicutes	60%	Clostridia	56%	Thermoanaerobacteriales	37%	Thermoanaerobacteriaceae	37%	Thermanaeromonas	19%
MITPA1D03	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	97%	Hyphomicrobiaceae	88%	Pedomicrobium	65%
MITPA1D04	Acidobacteria	83%	Acidobacteria	83%	Acidobacteriales	83%	Acidobacteriaceae	83%	Acidobacterium	80%
MITPA1D05	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	18%	Desulfobacterales	6%	Desulfofubaceae	5%	Desulfofustis	5%
MITPA1D06	Acidobacteria	49%	Acidobacteria	49%	Acidobacteriales	49%	Acidobacteriaceae	49%	Acidobacterium	45%
MITPA1D07	Firmicutes	26%	Clostridia	24%	Clostridiales	15%	Acidaminococcaceae	9%	Anaerovibrio	3%
MITPA1D08	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	17%	Desulfuromonales	6%	Desulfuromonaceae	6%	Malonomonas	6%
MITPA1D09	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Holophaga	17%
MITPA1D10	Acidobacteria	74%	Acidobacteria	74%	Acidobacteriales	74%	Acidobacteriaceae	74%	Acidobacterium	70%
MITPA1D11	Proteobacteria	84%	Deltaproteobacteria	41%	Myxococcales	34%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	33%
MITPA1D12	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Paenibacillaceae	100%	Paenibacillus	100%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MITPA1E01	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	46%	Syntrophobacteriales	20%	Syntrophobacteraceae	20%	Desulfovirga	11%
MITPA1E02	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	96%	Paenibacillaceae	80%	Thermobacillus	40%
MITPA1E03	Proteobacteria	97%	Deltaproteobacteria	96%	Desulfuromonales	48%	Geobacteraceae	39%	Trichlorobacter	39%
MITPA1E04	Acidobacteria	74%	Acidobacteria	74%	Acidobacteriales	74%	Acidobacteriaceae	74%	Holophaga	64%
MITPA1E05	Acidobacteria	36%	Acidobacteria	36%	Acidobacteriales	36%	Acidobacteriaceae	36%	Holophaga	35%
MITPA1E06	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	37%	Bdellovibrionales	20%	Bacteriovoraceae	20%	Peredibacter	20%
MITPA1E07	Firmicutes	74%	Clostridia	74%	Thermoanaerobacteriales	73%	Thermodesulfobiaceae	73%	Thermodesulfobium	73%
MITPA1E08	Genera_incertae_sedis_WS3	100%	WS3	100%						
MITPA1E10	Acidobacteria	39%	Acidobacteria	39%	Acidobacteriales	39%	Acidobacteriaceae	39%	Acidobacterium	24%
MITPA1E11	Proteobacteria	79%	Deltaproteobacteria	76%	Syntrophobacteriales	43%	Syntrophobacteraceae	40%	Desulfovirga	38%
MITPA1E12	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Holophaga	48%
MITPA1F01	Firmicutes	38%	Clostridia	38%	Clostridiales	25%	Clostridiaceae	12%	Oxobacter	4%
MITPA1F02	Proteobacteria	97%	Deltaproteobacteria	96%	Desulfuromonales	41%	Geobacteraceae	36%	Trichlorobacter	36%
MITPA1F03	Proteobacteria	39%	Alphaproteobacteria	20%	Rhodospirillales	16%	Rhodospirillaceae	10%	Inquilius	10%
MITPA1F04	Proteobacteria	68%	Deltaproteobacteria	47%	Syntrophobacteriales	23%	Syntrophobacteraceae	17%	Desulfurhabdus	11%
MITPA1F05	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	22%	Bdellovibrionales	9%	Bacteriovoraceae	9%	Peredibacter	9%
MITPA1F06	Acidobacteria	49%	Acidobacteria	49%	Acidobacteriales	49%	Acidobacteriaceae	49%	Holophaga	45%
MITPA1F07	Proteobacteria	95%	Deltaproteobacteria	95%	Desulfuromonales	33%	Geobacteraceae	24%	Trichlorobacter	23%
MITPA1F08	Proteobacteria	36%	Gammaproteobacteria	24%	Xanthomonadales	10%	Xanthomonadaceae	10%	Nevskia	9%
MITPA1F09	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	16%	Myxococcales	11%	Cystobacterineae	11%	Cystobacteraceae	11%
MITPA1F11	Firmicutes	37%	Clostridia	21%	Clostridiales	15%	Acidaminococcaceae	6%	Papillibacter	4%
MITPA1F12	Proteobacteria	37%	Deltaproteobacteria	14%	Desulfurellales	7%	Desulfurellaceae	7%	Hippea	7%
MITPA1G01	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	22%	Bdellovibrionales	11%	Bacteriovoraceae	11%	Peredibacter	11%
MITPA1G02	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	24%	Desulfobacteriales	21%	Desulfobacteraceae	21%	Desulforegula	21%
MITPA1G03	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Holophaga	38%
MITPA1G04	Proteobacteria	40%	Alphaproteobacteria	16%	Rhodospirillales	12%	Acetobacteraceae	10%	Craurococcus	9%
MITPA1G05	Acidobacteria	41%	Acidobacteria	41%	Acidobacteriales	41%	Acidobacteriaceae	41%	Acidobacterium	20%
MITPA1G06	Proteobacteria	44%	Alphaproteobacteria	15%	Rhizobiales	8%	Methylobacteriaceae	8%	Microvirga	8%
MITPA1G07	Proteobacteria	36%	Deltaproteobacteria	32%	Desulfurellales	14%	Desulfurellaceae	14%	Hippea	14%
MITPA1G08	Chloroflexi	38%	Anaerolineae	38%	Anaerolineales	38%	Anaerolineaceae	38%	Anaerolinea	38%
MITPA1G09	Acidobacteria	78%	Acidobacteria	78%	Acidobacteriales	78%	Acidobacteriaceae	78%	Holophaga	57%
MITPA1G10	Proteobacteria	82%	Deltaproteobacteria	81%	Syntrophobacteriales	44%	Syntrophobacteraceae	43%	Desulfovirga	34%
MITPA1G11	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
MITPA1G12	Acidobacteria	77%	Acidobacteria	77%	Acidobacteriales	77%	Acidobacteriaceae	77%	Holophaga	44%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
MITPA1H01	Proteobacteria	59%	Deltaproteobacteria	38%	Desulfuromonales	12%	Desulfuromonaceae	12%	Malonomonas	12%
MITPA1H02	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfovibrionales	9%	Desulfobalobiaceae	9%	Desulfonauticus	4%
MITPA1H03	Acidobacteria	51%	Acidobacteria	51%	Acidobacteriales	51%	Acidobacteriaceae	51%	Holophaga	37%
MITPA1H04	Proteobacteria	75%	Deltaproteobacteria	67%	Syntrophobacterales	45%	Syntrophaceae	34%	Smithella	33%
MITPA1H05	Acidobacteria	43%	Acidobacteria	43%	Acidobacteriales	43%	Acidobacteriaceae	43%	Holophaga	43%
MITPA1H06	Firmicutes	30%	Clostridia	27%	Thermoanaerobacteriales	12%	Thermoanaerobacteriaceae	12%	Thermacetogenium	9%
MITPA1H07	Acidobacteria	55%	Acidobacteria	55%	Acidobacteriales	55%	Acidobacteriaceae	55%	Acidobacterium	50%
MITPA1H08	Proteobacteria	50%	Alphaproteobacteria	32%	Rhodospirillales	22%	Acetobacteraceae	19%	Craurococcus	13%
MITPA1H09	Proteobacteria	64%	Epsilonproteobacteria	33%	Nautiliales	33%	Nautiliaceae	33%	Lebetimonas	29%
MITPA1H10	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	29%	Bdellovibrionales	13%	Bacteriovoraceae	13%	Peredibacter	13%
MITPA1H11	Acidobacteria	41%	Acidobacteria	41%	Acidobacteriales	41%	Acidobacteriaceae	41%	Holophaga	34%
MITPA2A01	Acidobacteria	67%	Acidobacteria	67%	Acidobacteriales	67%	Acidobacteriaceae	67%	Acidobacterium	63%
MITPA2A02	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	99%	Burkholderiales	90%	Comamonadaceae	31%	Caldimonas	12%
MITPA2A03	Acidobacteria	35%	Acidobacteria	35%	Acidobacteriales	35%	Acidobacteriaceae	35%	Acidobacterium	25%
MITPA2A04	Firmicutes	35%	Clostridia	35%	Clostridiales	32%	Acidaminococcaceae	27%	Succiniclasticum	11%
MITPA2A05	Acidobacteria	39%	Acidobacteria	39%	Acidobacteriales	39%	Acidobacteriaceae	39%	Holophaga	39%
MITPA2A06	Firmicutes	76%	Clostridia	76%	Thermoanaerobacteriales	74%	Thermodesulfobiaceae	73%	Thermodesulfobium	73%
MITPA2A07	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	27%	Myxococcales	17%	Cystobacterineae	17%	Cystobacteraceae	14%
MITPA2A08	Acidobacteria	51%	Acidobacteria	51%	Acidobacteriales	51%	Acidobacteriaceae	51%	Holophaga	44%
MITPA2A09	Proteobacteria	65%	Deltaproteobacteria	56%	Desulfovibrionales	20%	Desulfovibrionaceae	12%	Lawsonia	12%
MITPA2A11	Proteobacteria	49%	Alphaproteobacteria	30%	Rhodospirillales	18%	Rhodospirillaceae	17%	Inquilinus	17%
MITPA2A12	Proteobacteria	63%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfobacterales	9%	Desulfobulbaceae	7%	Desulfofustis	6%
MITPA2B01	Acidobacteria	59%	Acidobacteria	59%	Acidobacteriales	59%	Acidobacteriaceae	59%	Holophaga	41%
MITPA2B02	Acidobacteria	34%	Acidobacteria	34%	Acidobacteriales	34%	Acidobacteriaceae	34%	Holophaga	33%
MITPA2B04	Proteobacteria	59%	Betaproteobacteria	30%	Burkholderiales	25%	Comamonadaceae	18%	Ottowia	9%
MITPA2B05	Firmicutes	36%	Clostridia	28%	Clostridiales	21%	Clostridiaceae	10%	Thermohalobacter	6%
MITPA2B06	Acidobacteria	66%	Acidobacteria	66%	Acidobacteriales	66%	Acidobacteriaceae	66%	Holophaga	63%
MITPA2B07	Proteobacteria	45%	Betaproteobacteria	16%	Burkholderiales	10%	Alcaligenaceae	7%	Sutterella	7%
MITPA2B08	Proteobacteria	58%	Alphaproteobacteria	41%	Rhodospirillales	31%	Acetobacteraceae	27%	Craurococcus	15%
MITPA2B09	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Holophaga	55%
MITPA2B10	Chloroflexi	54%	Anaerolineae	54%	Anaerolineales	54%	Anaerolineaceae	54%	Anaerolinea	54%
MITPA2B11	Acidobacteria	41%	Acidobacteria	41%	Acidobacteriales	41%	Acidobacteriaceae	41%	Holophaga	38%
MITPA2B12	Proteobacteria	52%	Epsilonproteobacteria	22%	Nautiliales	22%	Nautiliaceae	22%	Lebetimonas	20%
MITPA2C01	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	18%	Cystobacteraceae	18%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MITPA2C02	Proteobacteria	59%	Deltaproteobacteria	53%	Syntrophobacterales	17%	Syntrophobacteraceae	14%	Desulfovirga	11%
MITPA2C03	Acidobacteria	56%	Acidobacteria	56%	Acidobacteriales	56%	Acidobacteriaceae	56%	Acidobacterium	50%
MITPA2C04	Acidobacteria	57%	Acidobacteria	57%	Acidobacteriales	57%	Acidobacteriaceae	57%	Holophaga	55%
MITPA2C05	Proteobacteria	79%	Epsilonproteobacteria	35%	Nautiliales	35%	Nautiliaceae	35%	Lebetimonas	33%
MITPA2C06	Proteobacteria	65%	Betaproteobacteria	22%	Burkholderiales	16%	Comamonadaceae	11%	Variovorax	3%
MITPA2C07	Acidobacteria	82%	Acidobacteria	82%	Acidobacteriales	82%	Acidobacteriaceae	82%	Holophaga	44%
MITPA2C08	Proteobacteria	30%	Alphaproteobacteria	18%	Rhodospirillales	7%	Acetobacteraceae	4%	Roseococcus	2%
MITPA2C09	Chloroflexi	32%	Anaerolineae	32%	Anaerolineales	32%	Anaerolineaceae	32%	Anaerolinea	32%
MITPA2C10	Proteobacteria	34%	Alphaproteobacteria	17%	Rhodobacterales	9%	Rhodobacteraceae	9%	Roseisalinus	3%
MITPA2C11	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Holophaga	38%
MITPA2C12	Acidobacteria	44%	Acidobacteria	44%	Acidobacteriales	44%	Acidobacteriaceae	44%	Holophaga	38%
MITPA2D01	Proteobacteria	75%	Deltaproteobacteria	65%	Syntrophobacterales	29%	Syntrophobacteraceae	28%	Desulforhabdus	21%
MITPA2D02	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	24%	Desulfovibrionales	15%	Desulfohalobiaceae	10%	Desulfonauticus	5%
MITPA2D03	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MITPA2D04	Acidobacteria	46%	Acidobacteria	46%	Acidobacteriales	46%	Acidobacteriaceae	46%	Holophaga	45%
MITPA2D05	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
MITPA2D06	Acidobacteria	35%	Acidobacteria	35%	Acidobacteriales	35%	Acidobacteriaceae	35%	Holophaga	26%
MITPA2D07	Proteobacteria	38%	Gammaproteobacteria	15%	Enterobacteriales	3%	Enterobacteriaceae	3%	Alterococcus	3%
MITPA2D08	Proteobacteria	31%	Deltaproteobacteria	14%	Syntrophobacterales	7%	Syntrophaceae	6%	Smithella	6%
MITPA2D09	Proteobacteria	43%	Alphaproteobacteria	22%	Rhodospirillales	13%	Acetobacteraceae	8%	Teichococcus	3%
MITPA2D11	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	19%	Desulfuromonales	6%	Desulfuromonaceae	5%	Malonomonas	5%
MITPA2D12	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
MITPA2E01	Firmicutes	45%	Clostridia	41%	Clostridiales	35%	Clostridiaceae	18%	Faecalibacterium	17%
MITPA2E02	Proteobacteria	44%	Epsilonproteobacteria	21%	Nautiliales	21%	Nautiliaceae	21%	Lebetimonas	18%
MITPA2E03	Firmicutes	42%	Clostridia	42%	Clostridiales	42%	Clostridiaceae	30%	Faecalibacterium	27%
MITPA2E04	Acidobacteria	77%	Acidobacteria	77%	Acidobacteriales	77%	Acidobacteriaceae	77%	Holophaga	64%
MITPA2E05	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	28%	Myxococcales	25%	Cystobacterineae	22%	Cystobacteraceae	15%
MITPA2E06	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
MITPA2E07	Acidobacteria	38%	Acidobacteria	38%	Acidobacteriales	38%	Acidobacteriaceae	38%	Holophaga	26%
MITPA2E08	Proteobacteria	34%	Deltaproteobacteria	28%	Myxococcales	15%	Cystobacterineae	10%	Cystobacteraceae	10%
MITPA2E09	Acidobacteria	67%	Acidobacteria	67%	Acidobacteriales	67%	Acidobacteriaceae	67%	Holophaga	45%
MITPA2E10	Proteobacteria	81%	Deltaproteobacteria	79%	Desulfobacterales	35%	Desulfobacteraceae	35%	Desulfocella	30%
MITPA2E11	Acidobacteria	62%	Acidobacteria	62%	Acidobacteriales	62%	Acidobacteriaceae	62%	Holophaga	52%
MITPA2E12	Firmicutes	36%	Clostridia	32%	Clostridiales	32%	Clostridiaceae	21%	Faecalibacterium	20%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero
MITPA2F01	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Acidaminococcaceae	Centipeda
MITPA2F02	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolineales	Anaerolineaceae	Anaerolinea
MITPA2F03	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2F04	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2F05	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Craurococcus
MITPA2F06	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	Luteimonas
MITPA2F07	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Inquilinus
MITPA2F08	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
MITPA2F09	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Acetobacteraceae	Craurococcus
MITPA2F11	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2F12	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Acidaminococcaceae	Allisonella
MITPA2G01	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
MITPA2G02	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Faecalibacterium
MITPA2G03	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Cystobacterineae	Cystobacteraceae
MITPA2G04	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2G05	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Acidaminococcaceae	Allisonella
MITPA2G06	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Acidaminococcaceae	Succinispira
MITPA2G07	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2G08	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
MITPA2G09	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophaceae	Desulfobacca
MITPA2G11	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Myxococcales	Sorangineae	Polyangiaceae
MITPA2G12	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Inquilinus
MITPA2H01	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfurellales	Desulfurellaceae	Hippea
MITPA2H02	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
MITPA2H03	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2H04	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Faecalibacterium
MITPA2H05	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA2H06	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Incertae sedis 5	Thiobacter
MITPA2H08	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Acidobacterium
MITPA2H09	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	Alicyclophilus
MITPA2H10	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolineales	Anaerolineaceae	Anaerolinea
MITPA2H11	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Tistrella
MITPA3A01	Acidobacteria	Acidobacteria	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	Holophaga
MITPA3A02	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Chromatiales	Chromatiaceae	Thioflavococcus

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
MITPA3A03	Proteobacteria	47%	Alphaproteobacteria	22%	Rhodospirillales	17%	Acetobacteraceae	12%	Craurococcus	10%
MITPA3A04	Firmicutes	37%	Clostridia	37%	Clostridiales	35%	Clostridiaceae	23%	Faecalibacterium	21%
MITPA3A05	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Geothrix	20%
MITPA3A06	Acidobacteria	52%	Acidobacteria	52%	Acidobacteriales	52%	Acidobacteriaceae	52%	Holophaga	27%
MITPA3A07	Proteobacteria	41%	Gammaproteobacteria	17%	Chromatiales	8%	Ectothiorhodospiraceae	4%	Thiorhodospira	4%
MITPA3A09	Proteobacteria	53%	Alphaproteobacteria	26%	Rhodospirillales	23%	Acetobacteraceae	12%	Kozakia	8%
MITPA3A10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
MITPA3A11	Proteobacteria	35%	Gammaproteobacteria	20%	Chromatiales	14%	Chromatiaceae	11%	Thiorhodococcus	6%
MITPA3A12	Proteobacteria	57%	Gammaproteobacteria	29%	Enterobacteriales	11%	Enterobacteriaceae	11%	Alterococcus	11%
MITPA3B01	Acidobacteria	69%	Acidobacteria	69%	Acidobacteriales	69%	Acidobacteriaceae	69%	Holophaga	46%
MITPA3B02	Proteobacteria	50%	Alphaproteobacteria	29%	Rhodospirillales	21%	Rhodospirillaceae	15%	Inquilinus	13%
MITPA3B03	Proteobacteria	54%	Gammaproteobacteria	22%	Chromatiales	14%	Chromatiaceae	14%	Thiorhodococcus	10%
MITPA3B04	Chloroflexi	31%	Anaerolineae	31%	Anaerolinaeales	31%	Anaerolinaeaceae	31%	Anaerolinea	31%
MITPA3B05	Proteobacteria	98%	Deltaproteobacteria	98%	Syntrophobacteriales	48%	Syntrophaceae	31%	Smithella	31%
MITPA3B06	Proteobacteria	77%	Deltaproteobacteria	56%	Desulfobacterales	20%	Desulfobacteraceae	17%	Desulforegula	12%
MITPA3B07	Firmicutes	32%	Clostridia	31%	Clostridiales	30%	Clostridiaceae	21%	Faecalibacterium	18%
MITPA3B08	Planctomycetes	99%	Planctomycetacia	99%	Planctomycetales	99%	Planctomycetaceae	99%	Pirellula	76%
MITPA3B09	Proteobacteria	55%	Betaproteobacteria	18%	Burkholderiales	14%	Comamonadaceae	11%	Ottowia	3%
MITPA3B10	Firmicutes	37%	Clostridia	36%	Clostridiales	35%	Clostridiaceae	20%	Faecalibacterium	19%
MITPA3B11	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Holophaga	36%
MITPA3C01	Proteobacteria	57%	Deltaproteobacteria	38%	Desulfobacterales	21%	Desulfobacteraceae	19%	Desulforegula	14%
MITPA3C02	Proteobacteria	37%	Deltaproteobacteria	22%	Myxococcales	8%	Nannocystineae	8%	Nannocystaceae	8%
MITPA3C03	Firmicutes	31%	Clostridia	27%	Clostridiales	22%	Acidaminococcaceae	11%	Centipeda	5%
MITPA3C04	Acidobacteria	37%	Acidobacteria	37%	Acidobacteriales	37%	Acidobacteriaceae	37%	Holophaga	35%
MITPA3C05	Proteobacteria	59%	Betaproteobacteria	20%	Neisseriales	12%	Neisseriaceae	12%	Laribacter	10%
MITPA3C06	Acidobacteria	38%	Acidobacteria	38%	Acidobacteriales	38%	Acidobacteriaceae	38%	Holophaga	25%
MITPA3C07	Verrucomicrobia	98%	Verrucomicrobiae	98%	Verrucomicrobiales	98%	Xiphinematobacteriaceae	82%	Xiphinematobacter	82%
MITPA3C08	Proteobacteria	64%	Deltaproteobacteria	59%	Syntrophobacteriales	46%	Syntrophobacteraceae	43%	Desulfovira	39%
MITPA3C09	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Holophaga	52%
MITPA3C10	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	19%	Syntrophobacteriales	7%	Syntrophaceae	4%	Smithella	3%
MITPA3C11	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfobacterales	10%	Desulfobacteraceae	6%	Desulforegula	6%
MITPA3C12	Acidobacteria	33%	Acidobacteria	33%	Acidobacteriales	33%	Acidobacteriaceae	33%	Holophaga	32%
MITPA3D01	Proteobacteria	92%	Deltaproteobacteria	92%	Syntrophobacteriales	80%	Syntrophobacteraceae	70%	Desulfovira	55%
MITPA3D03	Firmicutes	41%	Clostridia	39%	Clostridiales	29%	Clostridiaceae	11%	Faecalibacterium	5%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MITPA3D04	Firmicutes	39%	Clostridia	38%	Clostridiales	29%	Acidaminococcaceae	14%	Acetonema	5%
MITPA3D05	Firmicutes	55%	Clostridia	54%	Clostridiales	52%	Clostridiaceae	29%	Faecalibacterium	27%
MITPA3D06	Acidobacteria	55%	Acidobacteria	55%	Acidobacteriales	55%	Acidobacteriaceae	55%	Holophaga	38%
MITPA3D07	Proteobacteria	40%	Alphaproteobacteria	13%	Rhizobiales	6%	Rhodobiaceae	3%	Parvibaculum	3%
MITPA3D08	Proteobacteria	63%	Deltaproteobacteria	61%	Syntrophobacteriales	28%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulfovira	23%
MITPA3D09	Proteobacteria	55%	Betaproteobacteria	29%	Burkholderiales	20%	Comamonadaceae	11%	Ottowia	4%
MITPA3D10	Proteobacteria	49%	Betaproteobacteria	22%	Burkholderiales	15%	Comamonadaceae	12%	Hylemonella	6%
MITPA3D11	Proteobacteria	46%	Gammaproteobacteria	25%	Chromatiales	9%	Ectothiorhodospiraceae	6%	Thiorhodospira	5%
MITPA3D12	Proteobacteria	52%	Betaproteobacteria	19%	Burkholderiales	9%	Alcaligenaceae	5%	Sutterella	4%
MITPA3E01	Proteobacteria	70%	Deltaproteobacteria	60%	Myxococcales	30%	Cystobacterineae	30%	Cystobacteraceae	30%
MITPA3E02	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	20%	Myxococcales	10%	Cystobacterineae	10%	Cystobacteraceae	10%
MITPA3E03	Acidobacteria	62%	Acidobacteria	62%	Acidobacteriales	62%	Acidobacteriaceae	62%	Acidobacterium	58%
MITPA3E04	Acidobacteria	46%	Acidobacteria	46%	Acidobacteriales	46%	Acidobacteriaceae	46%	Holophaga	37%
MITPA3E05	Proteobacteria	58%	Epsilonproteobacteria	20%	Nautiliales	20%	Nautiliaceae	20%	Lebetimonas	20%
MITPA3E06	Proteobacteria	49%	Epsilonproteobacteria	19%	Nautiliales	19%	Nautiliaceae	19%	Lebetimonas	19%
MITPA3E07	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	21%	Desulfuromonales	9%	Geobacteraceae	9%	Trichlorobacter	9%
MITPA3E08	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
MITPA3E09	Firmicutes	54%	Clostridia	53%	Thermoanaerobacteriales	30%	Thermoanaerobacteriaceae	28%	Gelria	28%
MITPA3E10	Proteobacteria	43%	Alphaproteobacteria	20%	Rhodospirillales	13%	Rhodospirillaceae	10%	Inquilinus	10%
MITPA3E11	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	19%	Desulfuromonales	8%	Geobacteraceae	8%	Trichlorobacter	8%
MITPA3F01	Firmicutes	54%	Clostridia	54%	Clostridiales	49%	Clostridiaceae	27%	Faecalibacterium	24%
MITPA3F02	Firmicutes	34%	Clostridia	33%	Clostridiales	33%	Clostridiaceae	21%	Faecalibacterium	21%
MITPA3F03	Firmicutes	48%	Clostridia	47%	Clostridiales	45%	Clostridiaceae	30%	Faecalibacterium	28%
MITPA3F04	Proteobacteria	80%	Deltaproteobacteria	38%	Syntrophobacteriales	18%	Syntrophobacteraceae	18%	Desulfovira	14%
MITPA3F05	Firmicutes	38%	Clostridia	38%	Clostridiales	32%	Acidaminococcaceae	15%	Allisonella	8%
MITPA3F06	Proteobacteria	41%	Deltaproteobacteria	22%	Desulfobacterales	6%	Desulfobulbaceae	5%	Desulfofustis	5%
MITPA3F07	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	96%	Methylobacteriaceae	49%	Microvira	49%
MITPA3F08	Proteobacteria	50%	Alphaproteobacteria	18%	Rhodospirillales	9%	Rhodospirillaceae	7%	Inquilinus	4%
MITPA3F09	Proteobacteria	38%	Gammaproteobacteria	15%	Chromatiales	11%	Chromatiaceae	9%	Thiorhodococcus	8%
MITPA3F10	Acidobacteria	45%	Acidobacteria	45%	Acidobacteriales	45%	Acidobacteriaceae	45%	Holophaga	36%
MITPA3F11	Proteobacteria	71%	Deltaproteobacteria	53%	Desulfobacterales	24%	Desulfobacteraceae	22%	Desulforegula	17%
MITPA3F12	Acidobacteria	43%	Acidobacteria	43%	Acidobacteriales	43%	Acidobacteriaceae	43%	Acidobacterium	31%
MITPA3G01	Proteobacteria	35%	Alphaproteobacteria	14%	Rhodospirillales	9%	Rhodospirillaceae	5%	Inquilinus	5%
MITPA3G02	Planctomycetes	98%	Planctomycetacia	98%	Planctomycetales	98%	Planctomycetaceae	98%	Pirellula	81%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero
MITPA3G03	Firmicutes	37% Clostridia	37% Clostridiales	30% Acidaminococcaceae	19% Allisonella 10%
MITPA3G04	Proteobacteria	34% Alphaproteobacteria	20% Rhodospirillales	12% Acetobacteraceae	12% Swaminathania 4%
MITPA3G05	Proteobacteria	75% Gammaproteobacteria	36% Chromatiales	22% Chromatiaceae	15% Thiorhodococcus 4%
MITPA3G06	Proteobacteria	71% Deltaproteobacteria	52% Syntrophobacterales	20% Syntrophobacteraceae	17% Desulfurhabdus 9%
MITPA3G07	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	16% Syntrophobacterales	10% Syntrophobacteraceae	10% Desulfovira 6%
MITPA3G09	Firmicutes	34% Clostridia	33% Clostridiales	32% Clostridiaceae	20% Faecalibacterium 19%
MITPA3G10	Acidobacteria	49% Acidobacteria	49% Acidobacteriales	49% Acidobacteriaceae	49% Acidobacterium 46%
MITPA3G11	Proteobacteria	44% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	14% Acetobacteraceae	7% Craurococcus 5%
MITPA3G12	Acidobacteria	36% Acidobacteria	36% Acidobacteriales	36% Acidobacteriaceae	36% Holophaga 30%
MITPA3H01	Firmicutes	41% Clostridia	40% Clostridiales	34% Acidaminococcaceae	33% Succinilasticum 21%
MITPA3H02	Planctomycetes	97% Planctomycetacia	97% Planctomycetales	97% Planctomycetaceae	97% Isosphaera 86%
MITPA3H03	Proteobacteria	61% Deltaproteobacteria	25% Desulfuromonales	7% Desulfuromonaceae	7% Malonomonas 7%
MITPA3H04	Proteobacteria	61% Deltaproteobacteria	54% Desulfovibrionales	14% Desulfohalobiaceae	8% Desulfonauticus 8%
MITPA3H05	Proteobacteria	42% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	7% Rhodospirillaceae	6% Rhodocista 6%
MITPA3H06	Acidobacteria	39% Acidobacteria	39% Acidobacteriales	39% Acidobacteriaceae	39% Acidobacterium 19%
MITPA3H07	Proteobacteria	45% Deltaproteobacteria	42% Syntrophobacterales	30% Syntrophobacteraceae	27% Desulfovira 21%
MITPA3H08	Firmicutes	39% Clostridia	39% Clostridiales	29% Acidaminococcaceae	14% Acetonema 4%
MITPA3H09	Proteobacteria	80% Deltaproteobacteria	75% Myxococcales	67% Sorangineae	37% Polyangiaceae 37%
MITPA3H10	Firmicutes	74% Clostridia	74% Thermoanaerobacteriales	73% Thermodesulfobiaceae	73% Thermodesulfobium 73%
MITPA3H11	Proteobacteria	35% Alphaproteobacteria	19% Rhodospirillales	16% Acetobacteraceae	14% Craurococcus 5%
MIADJ1A01	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	96% Incertae sedis 5	43% Rubrivivax 31%
MIADJ1A02	Proteobacteria	58% Deltaproteobacteria	38% Bdellovibrionales	13% Bacteriovoracaceae	13% Peredibacter 13%
MIADJ1A03	Verrucomicrobia	64% Verrucomicrobiae	64% Verrucomicrobiales	64% Opitutaceae	32% Opitutus 32%
MIADJ1A04	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	93% Legionellales	75% Coxiellaceae	75% Rickettsiella 75%
MIADJ1A05	Nitrospira	100% Nitrospira	100% Nitrospirales	100% Nitrospiraceae	100% Nitrospira 100%
MIADJ1A06	Proteobacteria	38% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	13% Acetobacteraceae	7% Craurococcus 3%
MIADJ1A07	Verrucomicrobia	74% Verrucomicrobiae	74% Verrucomicrobiales	74% Verrucomicrobiaceae	56% Verrucomicrobium 56%
MIADJ1A08	Verrucomicrobia	97% Verrucomicrobiae	97% Verrucomicrobiales	97% Xiphinematobacteriaceae	55% Xiphinematobacter 55%
MIADJ1A11	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium 92%
MIADJ1A12	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	32% Syntrophobacterales	25% Syntrophobacteraceae	25% Thermodesulfurhabdus 14%
MIADJ1B01	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium 100%
MIADJ1B02	Proteobacteria	58% Deltaproteobacteria	43% Myxococcales	32% Cystobacterineae	31% Cystobacteraceae 31%
MIADJ1B03	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium 92%
MIADJ1B04	Nitrospira	98% Nitrospira	98% Nitrospirales	98% Nitrospiraceae	98% Nitrospira 98%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
MIADJ1B05	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1B06	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	92%	Comamonadaceae	50%	Xenophilus	45%
MIADJ1B08	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	30%	Cystobacterineae	30%	Cystobacteraceae	30%
MIADJ1B09	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	100%	Xanthomonadales	100%	Xanthomonadaceae	100%	Frateuria	100%
MIADJ1B10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
MIADJ1B11	Verrucomicrobia	92%	Verrucomicrobiae	92%	Verrucomicrobiales	92%	Verrucomicrobiaceae	46%	Verrucomicrobium	45%
MIADJ1C01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1C02	Firmicutes	45%	Clostridia	45%	Clostridiales	40%	Clostridiaceae	18%	Acetanaerobacterium	7%
MIADJ1C03	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	23%	Myxococcales	21%	Cystobacterineae	19%	Cystobacteraceae	19%
MIADJ1C04	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	31%	Myxococcales	29%	Cystobacterineae	25%	Cystobacteraceae	24%
MIADJ1C05	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Bradyrhizobiaceae	45%	Nitrobacter	37%
MIADJ1C06	Aquificae	30%	Aquificae	30%	Aquificales	30%	Incertae sedis 2	23%	Balnearium	19%
MIADJ1C08	Proteobacteria	55%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	27%	Cystobacterineae	26%	Cystobacteraceae	26%
MIADJ1C10	Firmicutes	37%	Clostridia	36%	Clostridiales	35%	Lachnospiraceae	20%	Catonella	13%
MIADJ1C11	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hypomicrobiaceae	44%	Rhodoplanes	43%
MIADJ1D01	Acidobacteria	52%	Acidobacteria	52%	Acidobacteriales	52%	Acidobacteriaceae	52%	Acidobacterium	48%
MIADJ1D02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1D03	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	99%	Burkholderiales	98%	Incertae sedis 5	43%	Tepidimonas	22%
MIADJ1D04	Verrucomicrobia	100%	Verrucomicrobiae	100%	Verrucomicrobiales	100%	Verrucomicrobiaceae	65%	Verrucomicrobium	64%
MIADJ1D06	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1D07	Verrucomicrobia	98%	Verrucomicrobiae	98%	Verrucomicrobiales	98%	Verrucomicrobiaceae	50%	Verrucomicrobium	50%
MIADJ1D09	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	40%	Myxococcales	37%	Cystobacterineae	35%	Cystobacteraceae	35%
MIADJ1D10	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
MIADJ1D11	Verrucomicrobia	95%	Verrucomicrobiae	95%	Verrucomicrobiales	95%	Verrucomicrobiaceae	48%	Verrucomicrobium	48%
MIADJ1D12	Firmicutes	62%	Clostridia	56%	Clostridiales	56%	Clostridiaceae	42%	Thermobrachium	13%
MIADJ1E01	Proteobacteria	34%	Deltaproteobacteria	22%	Myxococcales	17%	Cystobacterineae	14%	Cystobacteraceae	14%
MIADJ1E02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1E03	Actinobacteria	20%	Actinobacteria	20%	Rubrobacteridae	14%	Rubrobacterales	14%	Rubrobacterineae	14%
MIADJ1E04	Gemmatimonadetes	36%	Gemmatimonadetes	36%	Gemmatimonadales	36%	Gemmatimonadaceae	36%	Gemmatimonas	36%
MIADJ1E05	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	36%	Myxococcales	32%	Cystobacterineae	30%	Cystobacteraceae	30%
MIADJ1E06	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	98%	Incertae sedis 5	37%	Tepidimonas	23%
MIADJ1E07	Acidobacteria	60%	Acidobacteria	60%	Acidobacteriales	60%	Acidobacteriaceae	60%	Acidobacterium	59%
MIADJ1E08	Planctomycetes	99%	Planctomycetacia	99%	Planctomycetales	99%	Planctomycetaceae	99%	Gemmata	85%
MIADJ1E09	Proteobacteria	95%	Deltaproteobacteria	93%	Desulfurellales	68%	Desulfurellaceae	68%	Hippea	68%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MIADJ1E10	Proteobacteria	70%	Deltaproteobacteria	66%	Desulfobacterales	25%	Desulfobacteraceae	21%	Desulfocella	18%
MIADJ1E11	Firmicutes	32%	Clostridia	32%	Clostridiales	30%	Clostridiaceae	16%	Acetivibrio	7%
MIADJ1F02	Planctomycetes	95%	Planctomycetacia	95%	Planctomycetales	95%	Planctomycetaceae	95%	Isosphaera	59%
MIADJ1F03	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
MIADJ1F04	Firmicutes	48%	Clostridia	47%	Clostridiales	47%	Clostridiaceae	32%	Faecalibacterium	20%
MIADJ1F05	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	24%	Cystobacterineae	23%	Cystobacteraceae	23%
MIADJ1F06	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1F07	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1F08	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	37%	Myxococcales	35%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	33%
MIADJ1F09	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	43%	Myxococcales	40%	Cystobacterineae	39%	Cystobacteraceae	39%
MIADJ1F12	Acidobacteria	94%	Acidobacteria	94%	Acidobacteriales	94%	Acidobacteriaceae	94%	Acidobacterium	87%
MIADJ1G01	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	46%	Myxococcales	43%	Cystobacterineae	42%	Cystobacteraceae	41%
MIADJ1G02	Planctomycetes	100%	Planctomycetacia	100%	Planctomycetales	100%	Planctomycetaceae	100%	Gemmata	59%
MIADJ1G03	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ1G04	Proteobacteria	47%	Deltaproteobacteria	42%	Myxococcales	38%	Cystobacterineae	37%	Cystobacteraceae	36%
MIADJ1G05	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MIADJ1G06	Verrucomicrobia	91%	Verrucomicrobiae	91%	Verrucomicrobiales	91%	Verrucomicrobiaceae	59%	Verrucomicrobium	59%
MIADJ1G08	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	91%
MIADJ1G11	Firmicutes	100%	Bacilli	99%	Bacillales	96%	Paenibacillaceae	85%	Paenibacillus	31%
MIADJ1H04	Verrucomicrobia	92%	Verrucomicrobiae	92%	Verrucomicrobiales	92%	Verrucomicrobiaceae	40%	Verrucomicrobium	39%
MIADJ1H05	Verrucomicrobia	82%	Verrucomicrobiae	82%	Verrucomicrobiales	82%	Verrucomicrobiaceae	41%	Verrucomicrobium	41%
MIADJ1H07	Proteobacteria	85%	Deltaproteobacteria	78%	Syntrophobacterales	58%	Syntrophaceae	35%	Smithella	33%
MIADJ1H08	Verrucomicrobia	80%	Verrucomicrobiae	80%	Verrucomicrobiales	80%	Verrucomicrobiaceae	49%	Verrucomicrobium	49%
MIADJ1H10	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MIADJ1H11	Proteobacteria	76%	Gammaproteobacteria	42%	Chromatiales	39%	Chromatiaceae	35%	Chromatium	18%
MIADJ2A01	Proteobacteria	85%	Deltaproteobacteria	83%	Desulfurellales	49%	Desulfurellaceae	49%	Hippea	49%
MIADJ2A02	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	48%	Myxococcales	39%	Cystobacterineae	30%	Cystobacteraceae	30%
MIADJ2A03	Acidobacteria	53%	Acidobacteria	53%	Acidobacteriales	53%	Acidobacteriaceae	53%	Acidobacterium	45%
MIADJ2A04	Acidobacteria	96%	Acidobacteria	96%	Acidobacteriales	96%	Acidobacteriaceae	96%	Acidobacterium	95%
MIADJ2A05	Firmicutes	44%	Clostridia	43%	Clostridiales	36%	Clostridiaceae	23%	Acetanaerobacterium	9%
MIADJ2A06	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2A07	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	40%	Rhodoplanes	33%
MIADJ2A08	Firmicutes	61%	Clostridia	61%	Clostridiales	58%	Clostridiaceae	42%	Acetanaerobacterium	26%
MIADJ2A09	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	46%	Myxococcales	39%	Cystobacterineae	36%	Cystobacteraceae	35%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MIADJ2A10	Firmicutes	49%	Clostridia	48%	Clostridiales	40%	Clostridiaceae	36%	Faecalibacterium	21%
MIADJ2A11	Actinobacteria	96%	Actinobacteria	96%	Actinobacteridae	73%	Actinomycetales	73%	Frankineae	28%
MIADJ2A12	Verrucomicrobia	68%	Verrucomicrobiae	68%	Verrucomicrobiales	68%	Verrucomicrobiaceae	35%	Verrucomicrobium	34%
MIADJ2B01	Proteobacteria	61%	Deltaproteobacteria	54%	Myxococcales	51%	Cystobacterineae	33%	Cystobacteraceae	33%
MIADJ2B02	Proteobacteria	91%	Deltaproteobacteria	86%	Desulfurellales	48%	Desulfurellaceae	48%	Hippea	48%
MIADJ2B03	Thermodesulfobacteria	33%	Thermodesulfobacteria	33%	Thermodesulfobacteriales	33%	Thermodesulfobacteriaceae	33%	Thermodesulfator	33%
MIADJ2B04	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2B05	Acidobacteria	84%	Acidobacteria	84%	Acidobacteriales	84%	Acidobacteriaceae	84%	Acidobacterium	82%
MIADJ2B06	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	28%	Cystobacterineae	26%	Cystobacteraceae	26%
MIADJ2B07	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	99%	Bacillus	99%
MIADJ2B08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2B09	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
MIADJ2B10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2B11	Actinobacteria	52%	Actinobacteria	52%	Rubrobacteridae	41%	Rubrobacterales	41%	Rubrobacterineae	41%
MIADJ2B12	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Methylobacteriaceae	30%	Microvirga	30%
MIADJ2C01	Proteobacteria	68%	Deltaproteobacteria	54%	Syntrophobacteriales	30%	Syntrophobacteraceae	21%	Desulforhabdus	13%
MIADJ2C02	Proteobacteria	52%	Deltaproteobacteria	47%	Myxococcales	47%	Cystobacterineae	40%	Cystobacteraceae	39%
MIADJ2C05	Proteobacteria	75%	Deltaproteobacteria	72%	Desulfurellales	39%	Desulfurellaceae	39%	Hippea	39%
MIADJ2C06	Acidobacteria	55%	Acidobacteria	55%	Acidobacteriales	55%	Acidobacteriaceae	55%	Acidobacterium	50%
MIADJ2C07	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	39%	Myxococcales	36%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	31%
MIADJ2C08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2C09	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	37%	Myxococcales	35%	Cystobacterineae	31%	Cystobacteraceae	31%
MIADJ2C10	Proteobacteria	82%	Deltaproteobacteria	72%	Desulfobacterales	22%	Desulfobacteraceae	21%	Desulforegula	19%
MIADJ2C11	Firmicutes	48%	Clostridia	47%	Clostridiales	43%	Lachnospiraceae	21%	Catonella	16%
MIADJ2C12	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2D01	Firmicutes	43%	Clostridia	43%	Clostridiales	43%	Lachnospiraceae	18%	Oribacterium	10%
MIADJ2D02	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	100%	Burkholderiaceae	100%	Burkholderia	100%
MIADJ2D03	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	27%	Cystobacterineae	16%	Cystobacteraceae	16%
MIADJ2D04	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	28%	Cystobacterineae	22%	Cystobacteraceae	22%
MIADJ2D05	Proteobacteria	54%	Betaproteobacteria	31%	Burkholderiales	19%	Alcaligenaceae	10%	Sutterella	10%
MIADJ2D07	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	93%	Beijerinckiaceae	63%	Methylocapsa	28%
MIADJ2D08	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	30%	Myxococcales	20%	Cystobacterineae	20%	Cystobacteraceae	20%
MIADJ2D09	Firmicutes	45%	Clostridia	44%	Clostridiales	38%	Clostridiaceae	24%	Thermobrachium	13%
MIADJ2D10	Acidobacteria	37%	Acidobacteria	37%	Acidobacteriales	37%	Acidobacteriaceae	37%	Acidobacterium	37%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
MIADJ2D11	Firmicutes	52%	Clostridia	52%	Clostridiales	52%	Lachnospiraceae	21%	Catonella	11%
MIADJ2D12	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Paenibacillaceae	95%	Paenibacillus	91%
MIADJ2E01	Gemmatimonadetes	80%	Gemmatimonadetes	80%	Gemmatimonadales	80%	Gemmatimonadaceae	80%	Gemmatimonas	80%
MIADJ2E03	Proteobacteria	92%	Deltaproteobacteria	92%	Desulfurellales	59%	Desulfurellaceae	59%	Hippea	59%
MIADJ2E04	Firmicutes	41%	Clostridia	39%	Clostridiales	37%	Clostridiaceae	26%	Acetanaerobacterium	11%
MIADJ2E05	Nitrospira	100%	Nitrospira	100%	Nitrospirales	100%	Nitrospiraceae	100%	Nitrospira	100%
MIADJ2E06	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2E08	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	29%	Myxococcales	26%	Cystobacterineae	22%	Cystobacteraceae	22%
MIADJ2E12	Firmicutes	31%	Clostridia	28%	Clostridiales	19%	Peptococcaceae	13%	Cryptanaerobacter	6%
MIADJ2F01	Proteobacteria	34%	Deltaproteobacteria	26%	Myxococcales	14%	Cystobacterineae	13%	Cystobacteraceae	13%
MIADJ2F02	Acidobacteria	96%	Acidobacteria	96%	Acidobacteriales	96%	Acidobacteriaceae	96%	Acidobacterium	95%
MIADJ2F03	Verrucomicrobia	84%	Verrucomicrobiae	84%	Verrucomicrobiales	84%	Opiritaceae	59%	Opiritus	59%
MIADJ2F04	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	50%	Rhodoplanes	49%
MIADJ2F07	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2F08	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	31%	Myxococcales	29%	Cystobacterineae	25%	Cystobacteraceae	25%
MIADJ2F09	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	34%	Myxococcales	29%	Cystobacterineae	28%	Cystobacteraceae	28%
MIADJ2F10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2F12	Proteobacteria	96%	Gammaproteobacteria	81%	Oceanospirillales	35%	Hahellaceae	29%	Zooshikella	28%
MIADJ2G01	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	99%	Comamonadaceae	50%	Caldimonas	27%
MIADJ2G02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2G03	Verrucomicrobia	51%	Verrucomicrobiae	51%	Verrucomicrobiales	51%	Verrucomicrobiaceae	42%	Verrucomicrobium	42%
MIADJ2G04	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhodospirillales	100%	Acetobacteraceae	100%	Acidisphaera	85%
MIADJ2G05	Firmicutes	47%	Clostridia	47%	Clostridiales	45%	Clostridiaceae	31%	Acetanaerobacterium	20%
MIADJ2G06	Proteobacteria	48%	Betaproteobacteria	12%	Burkholderiales	6%	Comamonadaceae	3%	Ottowia	2%
MIADJ2G08	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	100%
MIADJ2G10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2G11	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	46%	Myxococcales	43%	Cystobacterineae	29%	Cystobacteraceae	29%
MIADJ2H01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ2H02	Proteobacteria	82%	Deltaproteobacteria	66%	Desulfobacterales	41%	Desulfobacteraceae	40%	Desulforegula	30%
MIADJ2H03	Proteobacteria	41%	Deltaproteobacteria	33%	Myxococcales	32%	Cystobacterineae	32%	Cystobacteraceae	32%
MIADJ2H04	Firmicutes	100%	Bacilli	100%	Bacillales	100%	Bacillaceae	100%	Bacillus	97%
MIADJ2H05	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	98%	Methylobacteriaceae	67%	Microvirga	66%
MIADJ2H06	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	39%	Myxococcales	37%	Cystobacterineae	34%	Cystobacteraceae	32%
MIADJ2H10	Firmicutes	29%	Clostridia	27%	Clostridiales	15%	Peptococcaceae	9%	Cryptanaerobacter	5%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo	Classe	Ordem	Família	Gênero					
MIADJ3A01	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MIADJ3A02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3A04	Acidobacteria	67%	Acidobacteria	67%	Acidobacteriales	67%	Acidobacteriaceae	67%	Acidobacterium	65%
MIADJ3A05	Proteobacteria	51%	Alphaproteobacteria	27%	Rhodospirillales	20%	Acetobacteraceae	14%	Craurococcus	7%
MIADJ3A06	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3A07	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	92%
MIADJ3A08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
MIADJ3A09	Acidobacteria	30%	Acidobacteria	30%	Acidobacteriales	30%	Acidobacteriaceae	30%	Holophaga	13%
MIADJ3A10	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	36%	Myxococcales	30%	Cystobacterineae	23%	Cystobacteraceae	23%
MIADJ3A11	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	96%
MIADJ3A12	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	19%	Desulfobacterales	11%	Desulfobacteraceae	11%	Desulforegula	9%
MIADJ3B01	Acidobacteria	67%	Acidobacteria	67%	Acidobacteriales	67%	Acidobacteriaceae	67%	Acidobacterium	66%
MIADJ3B02	Firmicutes	60%	Clostridia	57%	Thermoanaerobacteriales	37%	Thermoanaerobacteriaceae	24%	Thermanaeromonas	12%
MIADJ3B03	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	98%
MIADJ3B04	Acidobacteria	53%	Acidobacteria	53%	Acidobacteriales	53%	Acidobacteriaceae	53%	Acidobacterium	52%
MIADJ3B05	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	87%	Burkholderiales	74%	Incertae sedis 5	30%	Thiobacter	30%
MIADJ3B06	Proteobacteria	55%	Deltaproteobacteria	37%	Myxococcales	28%	Cystobacterineae	28%	Cystobacteraceae	28%
MIADJ3B08	Proteobacteria	100%	Deltaproteobacteria	100%	Myxococcales	100%	Cystobacterineae	100%	Cystobacteraceae	100%
MIADJ3B09	Proteobacteria	43%	Deltaproteobacteria	34%	Desulfurellales	32%	Desulfurellaceae	32%	Hippea	32%
MIADJ3B10	Acidobacteria	69%	Acidobacteria	69%	Acidobacteriales	69%	Acidobacteriaceae	69%	Acidobacterium	68%
MIADJ3B11	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	96%	Burkholderiales	90%	Comamonadaceae	50%	Xenophilus	39%
MIADJ3B12	Acidobacteria	36%	Acidobacteria	36%	Acidobacteriales	36%	Acidobacteriaceae	36%	Acidobacterium	36%
MIADJ3C01	Acidobacteria	66%	Acidobacteria	66%	Acidobacteriales	66%	Acidobacteriaceae	66%	Acidobacterium	65%
MIADJ3C02	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	76%	Chromatiales	62%	Ectothiorhodospiraceae	32%	Nitrococcus	21%
MIADJ3C03	Proteobacteria	30%	Deltaproteobacteria	21%	Myxococcales	18%	Cystobacterineae	12%	Cystobacteraceae	11%
MIADJ3C04	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	38%	Desulfovibrionales	18%	Desulfovibrionaceae	17%	Lawsonia	17%
MIADJ3C07	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3C08	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	98%
MIADJ3C09	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	96%
MIADJ3C10	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
MIADJ3C11	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	24%	Myxococcales	24%	Cystobacterineae	17%	Cystobacteraceae	17%
MIADJ3C12	Acidobacteria	45%	Acidobacteria	45%	Acidobacteriales	45%	Acidobacteriaceae	45%	Acidobacterium	41%
MIADJ3D01	Acidobacteria	59%	Acidobacteria	59%	Acidobacteriales	59%	Acidobacteriaceae	59%	Acidobacterium	54%
MIADJ3D02	Acidobacteria	97%	Acidobacteria	97%	Acidobacteriales	97%	Acidobacteriaceae	97%	Acidobacterium	97%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(continuação)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MIADJ3D03	Proteobacteria	96%	Deltaproteobacteria	93%	Syntrophobacterales	66%	Syntrophaceae	38%	Desulfobacca	35%
MIADJ3D04	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3D05	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MIADJ3D06	Spirochaetes	35%	Spirochaetes	35%	Spirochaetales	35%	Leptospiraceae	35%	Leptonema	35%
MIADJ3D07	Proteobacteria	43%	Betaproteobacteria	15%	Hydrogenophilales	11%	Hydrogenophilaceae	11%	Hydrogenophilus	11%
MIADJ3D08	Acidobacteria	42%	Acidobacteria	42%	Acidobacteriales	42%	Acidobacteriaceae	42%	Acidobacterium	40%
MIADJ3D09	Acidobacteria	51%	Acidobacteria	51%	Acidobacteriales	51%	Acidobacteriaceae	51%	Acidobacterium	45%
MIADJ3D10	Acidobacteria	88%	Acidobacteria	88%	Acidobacteriales	88%	Acidobacteriaceae	88%	Acidobacterium	86%
MIADJ3D11	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3D12	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	97%
MIADJ3E01	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MIADJ3E02	Acidobacteria	32%	Acidobacteria	32%	Acidobacteriales	32%	Acidobacteriaceae	32%	Holophaga	26%
MIADJ3E03	Acidobacteria	50%	Acidobacteria	50%	Acidobacteriales	50%	Acidobacteriaceae	50%	Acidobacterium	49%
MIADJ3E04	Proteobacteria	36%	Deltaproteobacteria	16%	Syntrophobacterales	13%	Syntrophobacteraceae	13%	Desulfovirga	9%
MIADJ3E05	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	21%	Myxococcales	20%	Cystobacterineae	20%	Cystobacteraceae	18%
MIADJ3E07	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3E08	Acidobacteria	65%	Acidobacteria	65%	Acidobacteriales	65%	Acidobacteriaceae	65%	Acidobacterium	64%
MIADJ3E10	Acidobacteria	58%	Acidobacteria	58%	Acidobacteriales	58%	Acidobacteriaceae	58%	Acidobacterium	54%
MIADJ3E12	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
MIADJ3F01	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	99%	Burkholderiales	89%	Burkholderiaceae	32%	Paucimonas	21%
MIADJ3F02	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Bradyrhizobiaceae	28%	Nitrobacter	22%
MIADJ3F03	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3F05	Proteobacteria	48%	Deltaproteobacteria	35%	Syntrophobacterales	27%	Syntrophobacteraceae	27%	Desulforhabdus	16%
MIADJ3F06	Proteobacteria	41%	Alphaproteobacteria	27%	Rhodospirillales	18%	Acetobacteraceae	14%	Craurococcus	7%
MIADJ3F09	Acidobacteria	59%	Acidobacteria	59%	Acidobacteriales	59%	Acidobacteriaceae	59%	Acidobacterium	58%
MIADJ3F10	Proteobacteria	44%	Epsilonproteobacteria	12%	Nautiliales	12%	Nautiliaceae	12%	Lebetimonas	10%
MIADJ3F11	Proteobacteria	34%	Gammaproteobacteria	22%	Xanthomonadales	10%	Xanthomonadaceae	10%	Nevskia	5%
MIADJ3F12	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	48%	Rhodoplanes	44%
MIADJ3G01	Firmicutes	35%	Clostridia	34%	Clostridiales	30%	Clostridiaceae	20%	Thermobranchium	7%
MIADJ3G02	Acidobacteria	84%	Acidobacteria	84%	Acidobacteriales	84%	Acidobacteriaceae	84%	Holophaga	46%
MIADJ3G03	Acidobacteria	82%	Acidobacteria	82%	Acidobacteriales	82%	Acidobacteriaceae	82%	Holophaga	50%
MIADJ3G04	Firmicutes	58%	Clostridia	58%	Clostridiales	57%	Heliobacteriaceae	23%	Heliophilum	21%
MIADJ3G05	Acidobacteria	97%	Acidobacteria	97%	Acidobacteriales	97%	Acidobacteriaceae	97%	Acidobacterium	97%
MIADJ3G06	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	97%

ANEXO B - Resultados das comparações das seqüências parciais da região 16S rRNA obtidas em amostras de solo Terra Preta Antropogênica e respectivos solos adjacentes da região Amazônica Central e Oriental, com as amostras depositadas no banco de dados de seqüências de 16S rRNA do RDP II pelo programa *Classifier*

(conclusão)

Clone	Filo		Classe		Ordem		Família		Gênero	
MIADJ3G08	Verrucomicrobia	69%	Verrucomicrobiae	69%	Verrucomicrobiales	69%	Verrucomicrobiaceae	35%	Verrucomicrobium	34%
MIADJ3G10	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Acidobacterium	39%
MIADJ3G11	Firmicutes	27%	Clostridia	25%	Thermoanaerobacteriales	13%	Thermoanaerobacteriaceae	13%	Gelria	8%
MIADJ3H01	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	21%	Syntrophobacteriales	15%	Syntrophobacteraceae	13%	Desulfovirga	8%
MIADJ3H02	Proteobacteria	93%	Deltaproteobacteria	88%	Syntrophobacteriales	42%	Syntrophobacteraceae	28%	Desulforhabdus	12%
MIADJ3H03	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	99%
MIADJ3H04	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3H05	Acidobacteria	96%	Acidobacteria	96%	Acidobacteriales	96%	Acidobacteriaceae	96%	Acidobacterium	96%
MIADJ3H06	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	15%	Syntrophobacteriales	5%	Syntrophaceae	5%	Desulfobacca	5%
MIADJ3H08	Acidobacteria	74%	Acidobacteria	74%	Acidobacteriales	74%	Acidobacteriaceae	74%	Holophaga	44%
MIADJ3H09	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MIADJ3H10	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MIADJ3H11	Firmicutes	100%	Clostridia	100%	Clostridiales	100%	Clostridiaceae	100%	Anaerobacter	88%

BITPA – solo TPA Lagoa Balnina; BIADJ – solo adjacente Lagoa Balbina; MITPA – solo TPA Caxiuanã – Mina I; MIADJ – solo adjacente Caxiuanã – Mina