

Artigo original

Impacto dos resíduos de *Manihot esculenta* Crantz no perfil bacteriano heterotrófico de solo amazônico

Impact of residues of Manihot esculenta Crantz on the heterotrophic bacterial profile of amazonian soil

<https://doi.org/10.5281/zenodo.17856883>

Andressa K. F. Martins^{1*}

Ana Clara R. Morais¹

Anna Célia O. Sarmento¹

Letícia S. Rodrigues¹

Suellen Caroline B. Neves¹

Ivan A. S. Junior¹

Mateus S. Terceti¹

Graciene S. T. Fernandes¹

¹ Universidade Federal do Oeste do Pará, Instituto de Ciências e Tecnologia das Águas (ICTA)/ Laboratório de Bacteriologia (LABAC), Santarém, PA, Brasil. Email: andresa.krlslany@yahoo.com.br

*Autor correspondente:

RESUMO

Introdução: Este estudo investigou a influência da manipueira na comunidade bacteriana do solo, comparando dois tratamentos: um com manipueira (M2) e outro sem manipueira (M1). **Objetivo:** avaliar como a aplicação desse resíduo poderia modificar a diversidade e abundância das bactérias presentes nas amostras de solo. Foram coletadas amostras em quatro diferentes tempos (T0, T1, T2 e T3). **Método e Resultados:** Foram isoladas 146 cepas, sendo 65 do tratamento M1 e 81 do tratamento M2. As análises de diversidade bacteriana não revelaram diferenças significativas entre os tratamentos, além de não haver diferenças significativas na composição da comunidade bacteriana. No entanto, o tratamento M2 apresentou maior abundância de microrganismos em comparação ao M1. A identificação revelou uma predominância do gênero *Clostridium*, recorrente em ambos os tratamentos. Outros gêneros identificados incluem *Corynebacterium*, *Lactobacillus*, *Pseudomonas*, *Staphylococcus*, *Enterobacteriaceae*. **Conclusão:** Embora a manipueira não afete a diversidade bacteriana do solo, pode contribuir para um aumento na abundância microbiana influenciando a dinâmica do ecossistema do solo.

Palavras-chave: Comunidade bacteriana. Resíduo de mandioca. Solo.

ABSTRACT

Introduction: This study investigated the influence of cassava residue on the soil bacterial community, comparing two treatments: one with cassava residue (M2) and the other without cassava residue (M1). **Objective:** To evaluate how the application of this residue could modify the diversity and abundance of bacteria present in soil samples. Samples were collected at four different time points (T0, T1, T2, and T3). **Methods and Results:** A total of 146 strains were isolated, 65 from treatment M1 and 81 from treatment M2. Bacterial diversity analyses revealed no significant differences between treatments, nor were there significant differences in bacterial community composition. However, treatment M2 showed a higher abundance of microorganisms compared to treatment M1. Identification revealed a predominance of the genus Clostridium, recurrent in both treatments. Other genera identified include Corynebacterium, Lactobacillus, Pseudomonas, Staphylococcus, and Enterobacteriaceae. **Conclusion:** Although cassava starch does not affect soil bacterial diversity, it may contribute to an increase in microbial abundance, influencing the dynamics of the soil ecosystem.

Keywords: Bacterial community. Cassava residue. Soil.

1. INTRODUÇÃO

O solo é um ambiente único, especialmente quando comparado a outros habitats, devido à sua natureza heterogênea e complexa. Nele, habitam microrganismos que vivem em consórcios, interagindo entre si e com o ambiente, desempenhando papéis fundamentais em diversos processos geoquímicos, como a decomposição da matéria orgânica e a ciclagem de nutrientes e energia (Cardoso, 2016). No entanto, ações antrópicas negativas têm causado sérios impactos ao meio ambiente, resultando na perda de biodiversidade e comprometendo o uso sustentável dos recursos naturais, especialmente o solo, cuja qualidade precisa ser preservada para garantir a manutenção desses recursos (Da Silva, 2015).

A agricultura tem se intensificado nos últimos anos, trazendo impactos significativos sobre o solo e a microbiota que nele habita, sendo um exemplo importante a cultura da mandioca. No Brasil, devido à grande variabilidade de condições climáticas e de solos, existem mais de 3.000 variedades de mandioca catalogadas, muitas das quais estão ligadas à identidade cultural de diversas populações e comunidades brasileiras, destacando-se em diferentes momentos da história nacional (Marques et al., 2023).

A *Manihot esculenta* Crantz, planta originária da América do Sul, dependendo do local pode ser conhecida como mandioca, macaxeira ou aipim e pertence à família. É uma das principais culturas alimentícias, destacando-se por suas raízes tuberosas ricas em amido, utilizadas para diversos fins (Marinho et al., 2021). A mandioca é uma das culturas agrícolas de maior produção no Brasil, especialmente na região Norte (Souza et al., 2019). De acordo com a EMBRAPA (2018), o estado do Pará representa 60,66% das áreas cultivadas de mandioca e, consequentemente, responde por 56,96% da produção da cultura na região.

Segundo a EMBRAPA (2020), o cultivo de mandioca garante uma colheita constante e é uma excelente fonte de forragem, sendo tanto rica em proteínas (parte

aérea) quanto em energia (raízes). No entanto, o processamento industrial ou artesanal da mandioca gera resíduos sólidos e líquidos que podem causar impactos ambientais quando descartados de maneira inadequada, e entre estes destaque se dá a manipueira (Farias et al., 2024).

A manipueira é um resíduo líquido leitoso de cor amarelo-clara resultante do processo de prensagem da mandioca, após esta ser ralada e lavada para a obtenção da farinha (Costa, 2018). Esse resíduo é composto por açúcares solúveis e glicosídeos cianogênicos (linamarina), o que confere uma toxicidade significativa (Rêgo et al., 2019). Essa toxicidade pode afetar a vida microbiana do solo caso este receba o resíduo, influenciando fatores como temperatura, pH, luminosidade, salinidade, fontes de energia, substratos orgânicos, nutrientes e a presença ou ausência de outros elementos tóxicos (Eloy et al., 2025). A comunidade microbiana presente no solo impactado pode se adaptar à presença desses compostos e desenvolver mecanismos de tolerância (Nogueira et al., 2021). Dessa forma, os microrganismos se tornam essenciais como bioindicadores na avaliação dos impactos ambientais causados por resíduos contaminantes, os quais afetam diretamente o solo e suas propriedades e trazem consequências para a vida microbiana ali presente.

Este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade bacteriana cultivável em solo impactado pela manipueira ao longo de diferentes períodos, buscando compreender as mudanças na comunidade microbiana causadas pela presença desse resíduo. Este estudo pode contribuir para o desenvolvimento de estratégias de manejo sustentável e mitigação dos impactos ambientais causados por resíduos agroindustriais e pode fornecer dados valiosos para futuras pesquisas sobre a adaptação microbiana a ambientes contaminados e seu papel na recuperação e preservação da qualidade do solo.

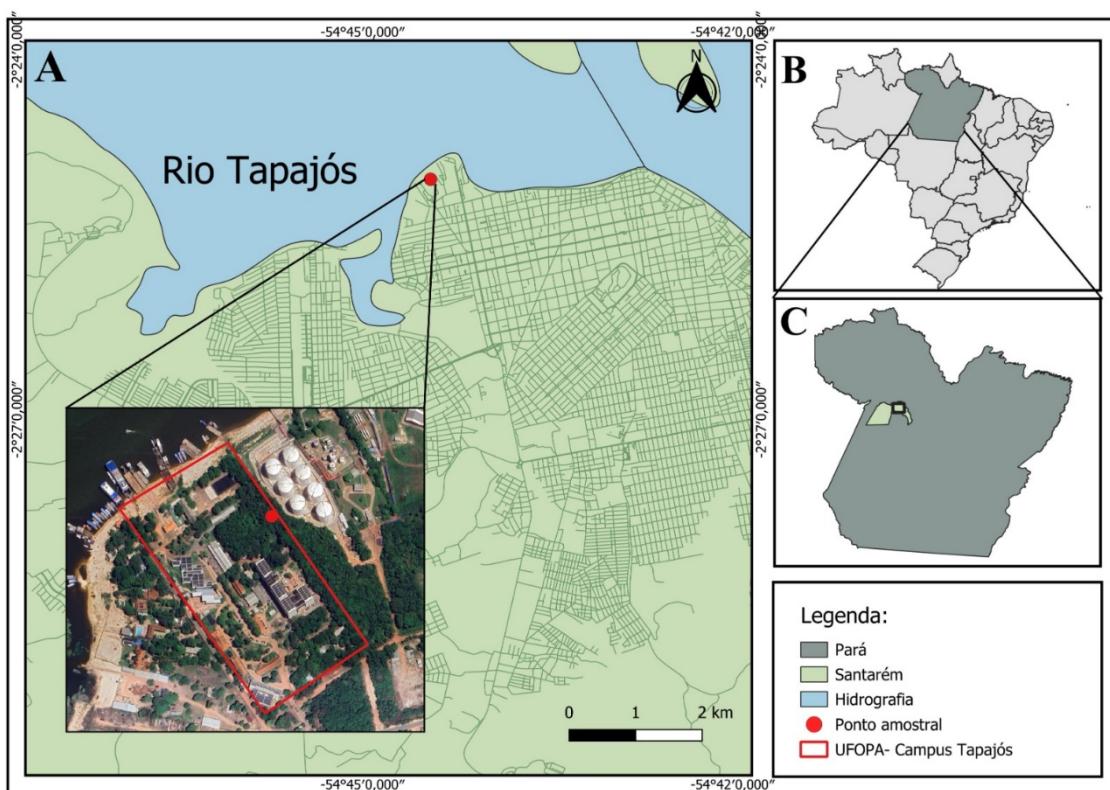
2. MÉTODO

2.1. Coleta e caracterização do solo

O solo utilizado para o experimento foi proveniente de uma área da Universidade Federal do Oeste do Pará (UFOPA) ($2^{\circ}41'79.1''$ S, $54^{\circ}74'08.8''$ W), Unidade Tapajós, localizada na região da Amazônia Oriental (**Fig. 1**).

O solo é caracterizado como Gleissolo, com predominância de textura argilosa e coloração preta, frequentemente encontrado em áreas de várzea e com alta concentração de matéria orgânica (Maria, 2019). A capacidade de retenção de água e nutrientes desse tipo de solo é alta, o que favorece a retenção de compostos e a abundância de microbiota (Hartmann e Six, 2022). A área de coleta é rica em raízes de plantas nativas e folhas em decomposição, indicando um ambiente com alta atividade biológica (Cardoso, 2016).

Figura 1. Ponto de coleta (A) Universidade Federal do Oeste do Pará, Unidade Tapajós, Pará, Brasil; (B) Estado do Pará, (C) Município de Santarém.



Fonte: Adaptado de Rodrigues (2024).

A coleta foi realizada utilizando pá e enxada, retirando-se a camada superficial do solo a uma profundidade de cerca de 10 cm em uma área de 20 m², para garantir amostras representativas da camada influenciada por atividades microbiológicas e a presença de matéria orgânica. Aproximadamente 40 kg de solo foi coletado, acondicionado em dois recipientes plásticos estéreis de 20 L, com furos no fundo para facilitar a drenagem, sendo o solo mantido nestes recipientes por 24 horas para o início do experimento. Durante esse período, o solo foi armazenado em temperatura controlada (25 °C) e umidade relativa de 70%, para garantir a estabilidade das condições ambientais.

2.2. Preparação e filtragem da manipueira

A manipueira utilizada neste estudo foi obtida junto a produtores locais no mês de novembro de 2018 e foi adquirida diretamente após o processo de prensagem da mandioca. Para remover partículas sólidas e impurezas que poderiam interferir nas análises microbiológicas, a manipueira foi filtrada com filtro de papel comum (qualidade Whatman nº 1, porosidade de 11 µm) (Costa, 2018). Após a filtragem, a manipueira foi armazenada em recipientes estéreis, para evitar contaminação, até a utilização no experimento.

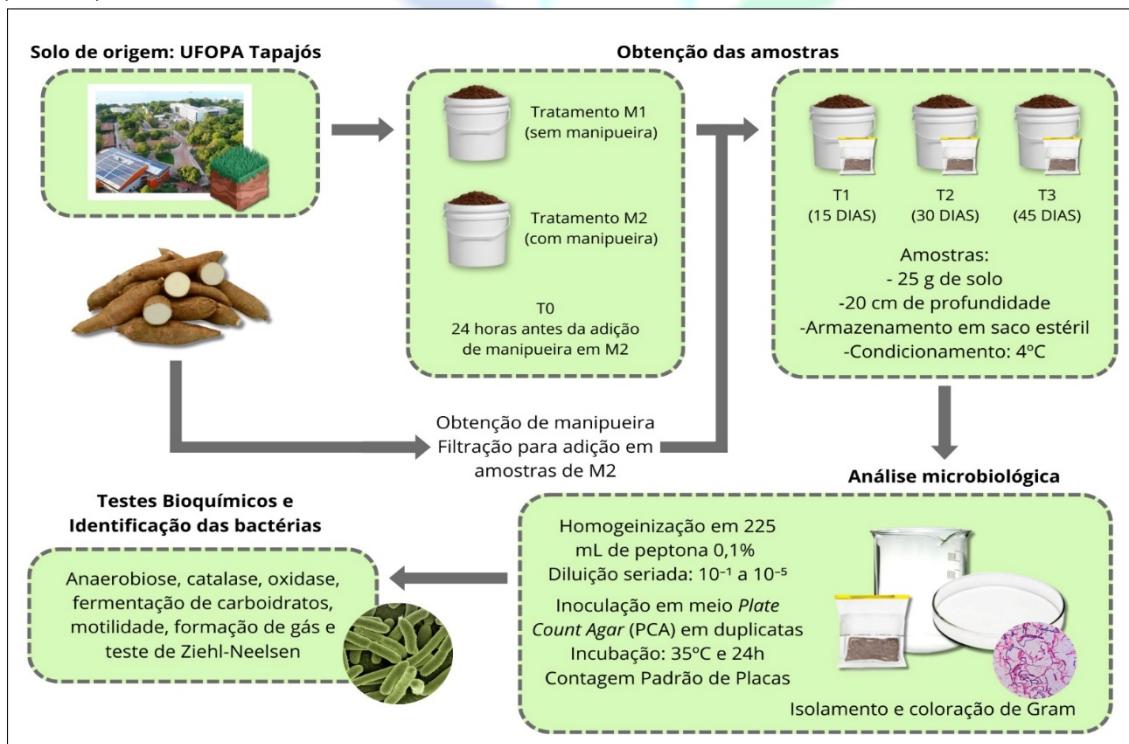
2.3. Condições experimentais – tratamentos M1 e M2

Foram utilizados dois recipientes plásticos de 20 L para o desenvolvimento do experimento (**Fig. 2**). O primeiro recipiente (tratamento M1) continha exclusivamente solo, enquanto o segundo recipiente com solo (tratamento M2) foi suplementado com 5 L de manipueira filtrada, simulando condições de contaminação por resíduos provenientes da agroindústria (Farias et al., 2024).

Durante o experimento, os recipientes foram posicionados em um ambiente externo e cercado por tela de jardinagem, sujeitos às condições ambientais naturais, com exposição direta à luz solar e precipitação. O local de armazenamento dos recipientes próximo ao Laboratório de Bacteriologia (Labac) da Universidade Federal do Oeste do Pará (UFOPA), onde as análises microbiológicas foram realizadas.

A coleta de amostras de solo foi realizada em quatro momentos: uma amostra controle (T0) foi coletada no primeiro dia, antes da aplicação da manipueira, seguida pelas amostras T1 (15 dias), T2 (30 dias) e T3 (45 dias) (figura 2). Cada amostra consistiu em 25 g de solo, coletado com espátula a uma profundidade aproximada de 20 cm, acondicionadas em sacos plásticos estéreis e transportadas imediatamente para o laboratório, onde ficaram 4 °C até o processamento.

Figura 2. Desenho experimental e metodologias aplicadas no estudo da comunidade bacteriana. O experimento foi conduzido com dois tratamentos: M1, contendo solo sem suplementação, e M2, contendo solo suplementado com 5 L de manipueira filtrada. As amostras de solo foram coletadas em quatro momentos ao longo do tempo: T0 (inicial), T1 (15 dias), T2 (30 dias) e T3 (45 dias).



Fonte: Autoria própria (2024).

2.4 Preparação de inóculos e análises microbiológicas

No laboratório, para avaliação da diversidade bacteriana cultivável, 25g do solo de cada tratamento foi transferido para um Becker contendo 225 mL de peptona 0,1%. O conteúdo foi agitado e homogeneizado, e 1 mL do inóculo foi retirado para diluições seriadas (10^{-1} até 10^{-5}). Cada diluição foi inoculada em triplicata em placas contendo o meio *Plate Count Agar* (PCA, KASVI®), utilizando a técnica *spread plate*, e incubadas a 35 °C por 24 horas (Lima et al., 2021). Após o período de incubação, foi realizada a Contagem Padrão em Placas (CPP) e as colônias foram isoladas para posterior análise de pureza. As cepas bacterianas isoladas foram transferidas para tubos de ensaio com meio *Trypticase Soy Agar* (TSA, KASVI®) e incubadas por 24 horas a 35 °C. Após o período de incubação, realizou-se a coloração de Gram para verificação da pureza da cultura e observação da morfologia celular por microscopia (Berger et al., 2000).

2.5 Testes bioquímicos e identificação de bactérias

Após o cultivo das cepas bacterianas, uma série de testes bioquímicos foi realizada para a identificação das bactérias isoladas, conforme os procedimentos descritos no *Manual de Berger* (Berger et al., 2000).

Entre os testes realizados para identificação bioquímica, inclui-se anaerobiose, atividade catalásica em lâmina, teste de oxidase, fermentação de carboidratos, teste de motilidade coloração de ácida de Ziehl-Neelsen, teste de coagulase, teste de hemólise, entre outros. Após a realização dos testes bioquímicos, as cepas bacterianas foram preservadas em microtubos contendo meio de cultivo TSA (*Tryptic Soy Agar*) suplementado com glicerol 15%, sendo armazenadas a -20°C para garantir a viabilidade das amostras para análises microbiológicas posteriores.

2.6 Análise estatística

Para avaliar a diversidade bacteriana, foram empregados os índices de diversidade recíproca de Simpson (1/D) e Shannon-Wiener (H'), além dos índices de similaridade de Jaccard e Bray-Curtis, que possibilitaram a comparação das comunidades bacterianas ao longo do tempo. A comparação entre os tratamentos M1 e M2 foi realizada por meio da Análise de Variância (ANOVA), com o objetivo de investigar o impacto da aplicação de manipueira sobre a estrutura da comunidade bacteriana em diferentes tempos de exposição.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram isoladas 146 cepas bacterianas nos dois tratamentos (M1 e M2), sendo 65 isolados do solo do tratamento M1 (sem manipueira) e 81 isolados do tratamento M2 (com manipueira). Embora a população bacteriana cultivável tenha sido maior no tratamento M2 que no M1 os índices de diversidade de Simpson (1/D) e Shannon-

Wiener (H'), bem como os índices de similaridade de Jaccard e Bray-Curtis, não revelaram diferenças significativas entre as amostras de solo de M1 e M2 (valor de $p > 0,05$).

Dos 146 isolados, 76% (111/146) foram representados por bacilos Gram-positivos, sendo 46 isolados provenientes de M1 e 65 de M2. Bacilos Gram-positivos são encontrados frequentemente em diversos ambientes, incluindo o solo, e sua prevalência pode ser atribuída à sua capacidade esporogênica (Ruis et al., 2022).

A identificação bioquímica dos isolados revelou que a comunidade microbiana foi composta por 10 táxons nas amostras de solo do tratamento M1 e 9 táxons nas amostras de solo de M2 (**tabela 1**). O gênero *Clostridium* foi o mais frequente, destacando-se como o grupo bacteriano dominante em ambos os tratamentos (**Fig. 3 e Fig. 4**).

Tabela 1. Táxons identificados bioquimicamente por tratamento e tempos.

Táxon	Tratamento								Total	
	T0		T1		T2		T3			
	M1	M2	M1	M2	M1	M2	M1	M2		
<i>Clostridium</i> spp.	12	16	4	7	4	9	9	9	70 47,9	
<i>Corynebacterium xerosis</i>	2	1	4	3	2	6	2	4	24 16,4	
Família Enterobacteriaceae	1	3	2	2	3	2	1	2	16 11,0	
<i>Pseudomonas</i> spp.	3	1	2	0	3	1	1	2	13 8,9	
<i>Corynebacterium kutscheri</i>	2	5	0	0	1	0	0	0	8 5,5	
<i>Lactobacillus</i> spp.	0	1	3	1	0	0	1	0	6 4,1	
<i>Bacillus</i> spp.	0	0	0	0	0	2	0	1	3 2,1	
<i>Staphylococcus</i> spp.	1	0	0	2	0	0	0	0	3 2,1	
<i>Aeromonas</i> spp.	0	0	1	0	0	0	0	1	2 1,4	
<i>Staphylococcus aureus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	1 0,7	
Total	21	27	17	15	13	20	14	19	146 100	

Fonte: Autoria própria.

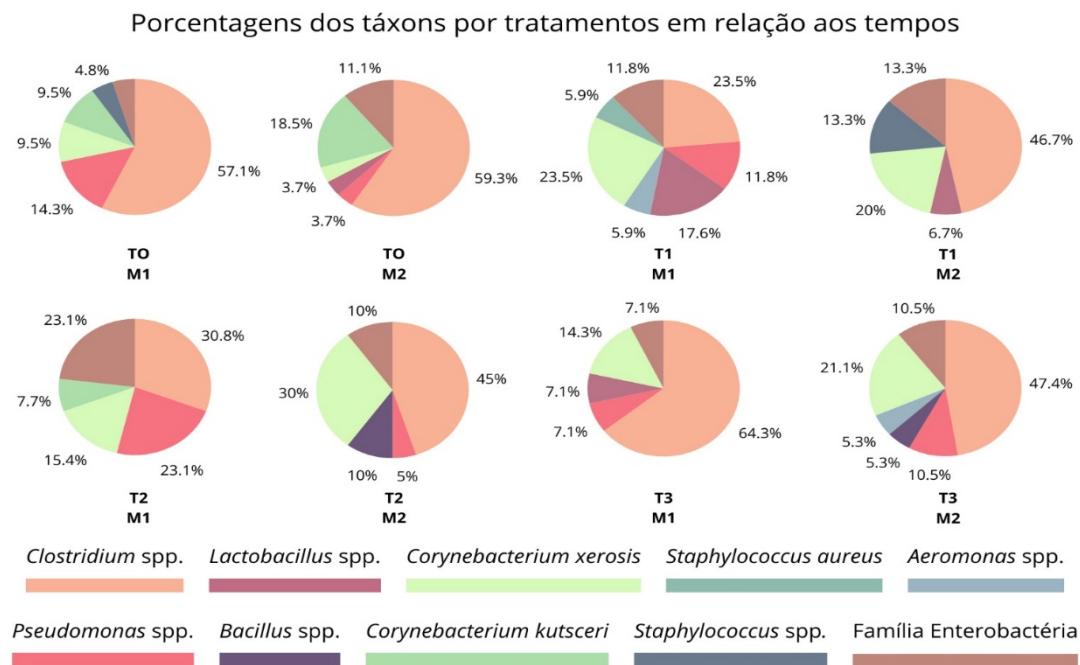
As figuras 3 e 4 ilustram a ocorrência dos táxons identificados nos dois tratamentos, apresentando as porcentagens relativas de cada táxon ao longo dos diferentes tempos amostrais. Os dados permitem observar a variação na prevalência dos gêneros bacterianos, bem como a distribuição relativa dos táxons entre os tratamentos M1 e M2.

O gênero *Clostridium* é amplamente distribuído na natureza, são bacilos Gram-positivos, formadores de esporos, anaeróbios estritos e aerotolerantes (Guo et al., 2020). De acordo com a List of Prokaryotic Names With Standing in Nomenclature (LPSN, 2014), atualmente estão descritas 357 espécies e 12 subespécies de *Clostridium*, apresentando uma grande diversidade de características fenotípicas e metabólicas (Silva et al., 2022).

Algumas espécies deste gênero têm a capacidade de utilizar a maniqueira como fonte de carbono, sendo particularmente relevantes para a produção de biocombustíveis. Um estudo conduzido por Chogi et al., 2020 demonstrou que *C.*

beijerinckii apresenta a maior produção de etanol e butanol quando cultivada com efluente de mandioca como principal fonte de carbono. Além disso, o gênero *Clostridium* possui uma notável resistência aos cianetos presentes na manipueira, que não afetam seu crescimento, e o resíduo gerado pode ser utilizado na produção de energia, como biocombustível (Chogi et al., 2022).

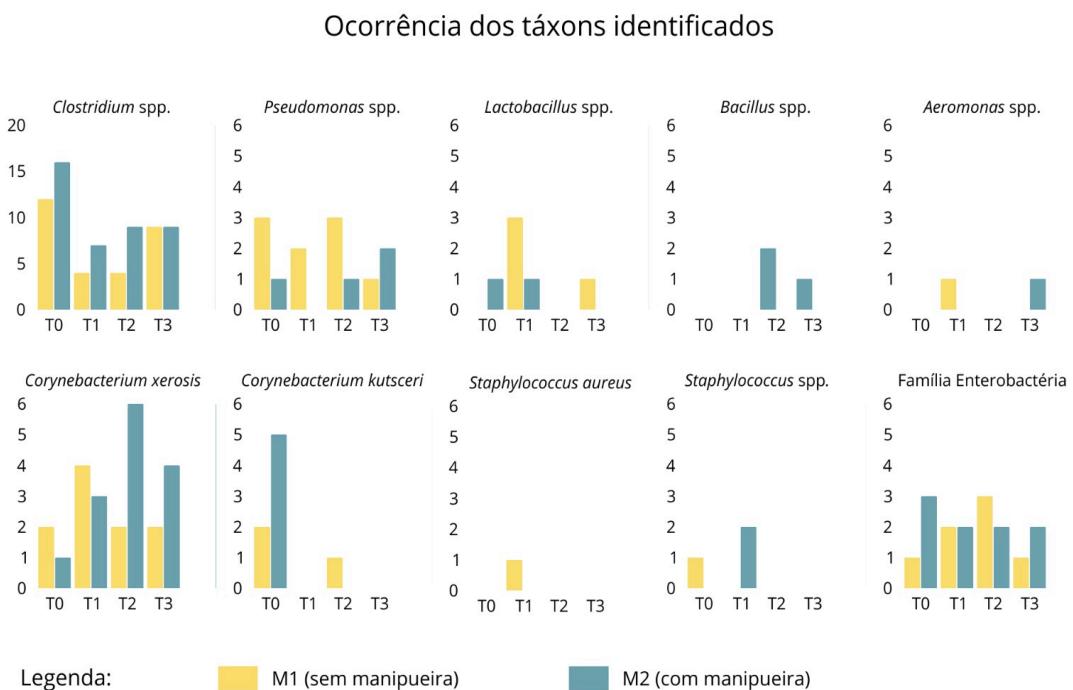
Figura 3. Distribuição dos táxons bacterianos identificados e suas porcentagens por tratamento ao longo dos tempos amostrais.



A figura mostra a ocorrência relativa dos principais gêneros bacterianos identificados nos tratamentos M1 (solo sem manipueira) e M2 (solo com manipueira) nos tempos de coleta T0, T1, T2 e T3. As porcentagens indicam a prevalência de cada táxon em relação ao total de isolados por tratamento e tempo, destacando a variação na composição das comunidades bacterianas ao longo do experimento.

Fonte: autoria própria.

Figura 4. Distribuição dos táxons bacterianos identificados por tratamento ao longo dos tempos amostrais.



Os gráficos mostram a ocorrência relativa dos principais gêneros bacterianos identificados nos tratamentos M1 (solo sem manipueira) e M2 (solo com manipueira) nos tempos de coleta T0, T1, T2 e T3.

Fonte: Autoria própria.

Entre os bacilos Gram-positivos identificados nos dois tratamentos, foram encontrados 38 isolados não esporogênicos. Desses, 32 pertencem ao gênero *Corynebacterium*, com a identificação de duas espécies distintas: *C. kuttereri*, presente no tratamento M1 ($n=3$) e M2 ($n=5$), e *C. xerosis*, com 10 isolados no M1 e 14 no M2. (Tabela 1). Dentre esses dois táxons, *C. xerosis* foi o mais recorrente em ambos os tratamentos. Muitas novas espécies de *Corynebacterium* têm sido descritas a partir de amostras clínicas humanas e animais, mas a maioria dos isolados do gênero tem origem em amostras de solo. O número crescente de novas espécies classificadas dentro deste gênero sugere que ainda há muito a ser descoberto sobre a diversidade de *Corynebacterium* (Becker e Wittmann, 2021). Além disso, algumas espécies desse gênero são conhecidas por sua capacidade de produzir biossurfactantes e podem utilizar uma ampla variedade de substâncias como fontes de carbono, incluindo diesel, petróleo, glicose, resíduos agroindustriais e óleos vegetais (Silva et al., 2023).

Dentre os gêneros bacterianos analisados, destacamos a presença de bactérias Gram-negativas, incluindo o gênero *Pseudomonas*. Este gênero foi frequentemente encontrado no tratamento M1 em todos os tempos amostrais, e no tratamento M2, esteve presente nos tempos T0 e T2, com um total de 13 cepas isoladas. *Pseudomonas* é considerado um gênero bacteriano de grande interesse clínico, devido à sua ampla capacidade de sobrevivência e distribuição cosmopolita. Prefere ambientes úmidos, sendo comumente encontrada no solo, na água e em seres humanos (Dos Santos e Colombo, 2015). Esse microrganismo também pode colonizar a microbiota da superfície

de plantas, mas sua principal função é atuar como patógeno oportunista em hospedeiros com falhas nos mecanismos de defesa (Neoprospecta, 2019). Além disso, *Pseudomonas* está associada à produção de biossurfactantes a partir de resíduos agroindustriais ricos em lipídios e carboidratos, como o resíduo de manipueira. Esses resíduos atendem aos requisitos necessários para a produção de biossurfactantes, e o uso de resíduos agroindustriais contribui para a solução de problemas relacionados ao descarte e tratamento desses materiais (Brumano et al., 2016).

Outro gênero bacteriano identificado foi *Lactobacillus* spp., com 6 cepas isoladas nos dois tratamentos. Este gênero foi mais prevalente nos dois primeiros tempos amostrais do tratamento M2. *Lactobacillus* é um bacilo Gram-positivo, não formador de esporos, desprovido de flagelos, e apresenta uma forma bacilar ou cocobacilar. É aerotolerante ou anaeróbico, heterotrófico e, para sua sobrevivência, degrada açúcares, gerando ácido láctico como subproduto (Damasceno et al., 2024).

As bactérias produtoras de ácido láctico são os principais microrganismos envolvidos na fermentação espontânea da mandioca (Cavalcante, 2021). O aumento da acidez do meio é resultado da produção de ácidos orgânicos, com destaque para o ácido láctico, que é o mais frequentemente encontrado (Fessard e Remize, 2017). Diversos estudos indicam que as bactérias ácido-láticas são os microrganismos predominantes no processo de fermentação da mandioca (Brito et al., 2019). Elijah et al. (2014) observaram que, na manipueira, existe uma diversidade bacteriana, sendo as espécies *Lactobacillus fermentum* e *Lactobacillus plantarum* as mais abundantes. Embora a temperatura e o pH do ambiente sejam fatores cruciais para a produção de ácido láctico, esta pesquisa não permitiu a avaliação dos parâmetros físico-químicos da manipueira.

Curiosamente, o gênero *Bacillus* foi encontrado apenas no tratamento M2, enquanto *Staphylococcus aureus* foi isolado exclusivamente no tratamento M1 (Tabela 1, Figura 3).

O gênero *Bacillus* é composto por bastonetes Gram-positivos, capazes de esporulação e com morfologia bacilar. Essas bactérias são comuns em solos ácidos (Ehling-Schulz e Messelhäusser, 2013) e foram encontradas no tratamento M2, nos tempos T0 (1º dia) e T1 (15 dias) (Figura 4 e Tabela 1). Espécies de *Bacillus* competem com outros microrganismos pela produção de moléculas bioativas que auxiliam sua sobrevivência. Quando presentes em culturas mistas em sistemas de tratamento de efluentes orgânicos, essas bactérias podem produzir ácidos orgânicos e liberar hidrogênio (Kummer et al., 2016). Chinellato (2017) destacou o gênero *Bacillus* como promissor para biorremediação, corroborando com Calvo et al. (2009), que indicaram seu potencial aplicação ambiental.

S. aureus foi encontrado na amostra do tempo T1 (15 dias), mas não foi encontrado nos outros tempos amostrais nem no tratamento M2 (figura 3). *Staphylococcus aureus* são cocos Gram-positivos dispostos em cachos, pertencente à família *Staphylococcaceae*, se desenvolve em ambientes com temperaturas variando de 18 °C a 40 °C, podendo ser tanto aeróbica quanto anaeróbica. Sua identificação bioquímica inclui reações positivas para catalase, fermentação de manitol e coagulase (Taylor e Unakal, 2025). Embora seja uma bactéria comensal importante, *S. aureus* pode causar uma grande variedade de doenças em humanos e animais (Santana et al.,

2022). A presença de animais abandonados nas dependências da UFOPA, nas imediações da área onde o sistema estava instalado, pode explicar a detecção dessa bactéria no T1 da amostra M1. Contudo, *S. aureus* é considerado um problema de saúde pública mundial devido ao crescente número de infecções hospitalares, além de ser um microrganismo com alta capacidade de adquirir resistência (Fernandes et al., 2020). A espécie está associada a mais de 1 milhão de mortes e é considerada a principal causa de mortalidade bacteriana em pelo menos 135 países, incluindo o Brasil (Ikuta et al., 2022).

A família *Enterobacteriaceae* foi identificada nos dois tratamentos, com um total de 16 isolados, sendo mais frequente no tratamento M2. *Enterobacteriaceae* comprehende bactérias Gram-negativas, que inclui patógenos como *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Salmonella*, *Escherichia coli*, *Shigella*, *Proteus*, *Serratia*, entre outras. Segundo Soobhany (2018), a presença de enterobactérias indica a possível presença de organismos patogênicos. Embora sejam responsáveis por diversas doenças em todo o mundo, essas bactérias também desempenham funções benéficas, como a degradação da matéria orgânica, já que a maioria dos membros dessa família é importante para processos ecológicos (Gomes et al., 2021).

Dentre os gêneros com menor frequência, destacam-se *Aeromonas* e *Bacillus*. Cepas de *Aeromonas* spp. foram encontradas nos tratamentos M1 e M2, enquanto *Bacillus* spp. foi identificado apenas no tratamento M2, nas amostras T2 (30 dias) e T3 (45 dias). *Aeromonas* spp. foi identificada no tratamento M1 no T1 (15 dias) com 1 isolado, e no tratamento M2 com 1 isolado identificado no T3 (45 dias). O gênero *Aeromonas*, pertencente à família *Aeromonadaceae*, é composto por bacilos Gram-negativos, autóctones de ambientes aquáticos, mas também encontrados em solo e alimentos, sendo capazes de causar infecções em seres humanos e outros animais (Fernández-Bravo e Figueras, 2020). *Aeromonas* spp. é comum em ambientes de países de clima quente, onde as condições favorecem o seu crescimento, aumentando as chances de exposição a essas bactérias (Chen et al., 2016). Elas são frequentemente encontradas em ambientes aquáticos, e algumas espécies fazem parte da microbiota de aves aquáticas e de animais ectotérmicos, como répteis e anfíbios. São consideradas potencialmente patogênicas para esses animais e seres humanos, causando doenças transmitidas pela água ou infecções por inoculação traumática (Kim et al., 2015, Janda et al., 2016).

O índice de diversidade recíproco de Simpson (1/D) e o índice de Shannon-Wiener (H') não mostraram diferença significativa na diversidade entre os tratamentos e os tempos. Os resultados dos índices foram os seguintes: Teste de Simpson (1/D) M1 = 0,7358 e M2 = 0,6926; e Teste de Shannon-Wiener (H') M1 = 1,662 e M2 = 1,572. O índice de Simpson avalia a abundância das espécies mais comuns, sendo um índice de dominância (Lima et al., 2019), enquanto o índice de Shannon-Wiener (H') reflete a riqueza de espécies em uma comunidade (Begon et al., 2003). Embora não tenha havido diferença significativa na diversidade entre os dois tratamentos e os diferentes tempos, foi observada diferença na abundância dos indivíduos de cada táxon. O tratamento M2 apresentou maior abundância em comparação ao tratamento M1, e, no tempo T0 (1º dia), o tratamento M2 também teve maior abundância de indivíduos. Os índices de Similaridade de Jaccard e Bray-Curtis confirmaram os resultados não

significativos obtidos nos testes anteriores. A análise de variância aplicadas aos dados indicou valores de P superiores a 5, indicando que as médias dos fatores tratamento e tempo, pelo teste F, foram estatisticamente iguais.

Diante dos resultados obtidos, foi possível constatar que o resíduo da manipueira não exerceu uma influência significativa na comunidade bacteriana presente no solo, conforme a análise estatística aplicada. Isso pode ser explicado pela capacidade das bactérias de se adaptarem a diferentes ambientes, além de o solo ser rico em nutrientes, o que garante a vitalidade desses microrganismos. Outro fator relevante observado foi a diferença na abundância bacteriana, com o tratamento M2, exposto à manipueira, apresentando maior número de indivíduos. Esse aumento pode ser atribuído à presença de bactérias provenientes da manipueira, que não foi avaliada separadamente, já que o resíduo não passou por um processo de esterilização, somando-se à microbiota do solo e resultando em maior abundância de microrganismos no tratamento M2. Além disso, foi observado um maior número de indivíduos do gênero *Clostridium* spp., conhecidos por sua resistência aos cianetos presentes na manipueira.

5. CONCLUSÃO

O estudo revelou que não houve diferença significativa entre os tratamentos. No entanto, observou-se uma maior abundância de bactérias no tratamento M2 em comparação ao tratamento M1, indicando que o solo em contato com o rejeito da manipueira altera a abundância microbiana, sem afetar sua diversidade. Bactérias Gram-positivas também foram encontradas em maior número, com destaque para o gênero *Clostridium*, presente em todos os tratamentos e responsável pelo maior número de bactérias encontradas, seguido pelo gênero *Corynebacterium*. Além disso, a continuidade dos estudos pode contribuir para o desenvolvimento de práticas mais sustentáveis no uso da manipueira, favorecendo a agricultura e o manejo de resíduos na região. A compreensão da interação entre os resíduos da manipueira e a microbiota do solo também pode abrir caminhos para a exploração de novos processos biotecnológicos, como a biorremediação ou a produção de compostos bioativos, trazendo benefícios ambientais e econômicos para as comunidades locais.

Considerações éticas

Esta pesquisa é dispensada de aprovação de comitê de ética em animais ou humanos, estando de acordo com a legislação brasileira.

REFERÊNCIAS

- Cardoso EJBN. Microbiologia do solo. Esalq - Usp; 2016.
- Silva DDED, Felizmino FTA, Oliveira MGD. Avaliação da degradação ambiental a partir da prática da cultura do feijão no município de Tavares - PB. Holos. 2016; 8:148–65.
- Marques AT, Fortes MR. A produção de farinha de mandioca na comunidade do Caiozinho, Itapiranga/AM, Brasil. RVG. 2023; 5(02):34–50.

Marinho JRD, Demartelaere ACF, Junior SM, Preston HAF, Mattos KMDC, Nunes SKDS, Silva TPDP, Preston W, Silva RMD, Souza JBD, Lira VMD, Paiva LLD, Danino GS, Coutinho PWR, Mata TCD, Medeiros DCD, Lopes DA. Análise da viabilidade econômico-financeira da produção de *Manihot esculenta* (Crantz) em assentamentos rurais no município de Macaíba-RN/ Economic analysis and financial viability the production *Manihot esculenta* (Crantz) in rural settlements the municipality Macaíba-RN. BJDV. 2021; 7(4):43363–404.

Souza ACF, Soares NRM, Paiva ADC, Mendes JTR, Souza JF. Avaliação microscópica e microbiológica de farinhas de mandioca *Manihot esculenta* Crantz comercializadas nas feiras do Produtor e do Agricultor na cidade de Macapá, Amapá. REV. 2019; 12(3):12.

Empresa brasileira de pesquisas agropecuária (EMBRAPA). Mandioca em números. 2018 [citado 8 de junho de 2024]. Disponível em: <https://www.embrapa.br/congresso-de-mandioca-2018/mandioca-em-numeros>

Empresa brasileira de pesquisas agropecuária (EMBRAPA). Mandioca. 2020 [citado 8 de junho de 2024]. Disponível em: <https://www.embrapa.br/mandioca-e-fruticultura/cultivos/mandioca>.

Farias NC, Corrêa AQI, Henrique IN. Impactos socioambientais devido descarte inadequado de manipueira em comunidade no baixo amazonas. Cad Pedagógico. 2024; 21(13):e11998.

Costa J. Potencial uso da manipueira no controle larvicida do *Aedes aegypti* [Dissertação (Mestrado em Química)]. [São Cristovão]: Universidade Federal de Sergipe; 2018.

Rêgo APB, Barbosa Cunha JR, Souza Santos R, Do Val De Assis FG, Lopes Leal P. Produção de enzimas CMCase e pectinase por processo fermentativo utilizando casca de café suplementada com manipueira como substrato. R bras Ener Renov. 2019; 8(1). Disponível em: <https://revistas.ufpr.br/rber/article/view/53947>

Eloy E, Molin ÉRD, Mangini TDS, Candaten L, Trevisan R. Contaminação do solo pelo uso de moirões tratados com arseniato de cobre cromatado. Ciênc Florest. 2025; e86024.

Nogueira OMN, Salgueiro JLG, Francisco EA, Ottoni JR, Passarini MRZ. Tolerância de microrganismos eucariotos ao herbicida glifosato. Semin Cienc Biol Saude. 2021; 42(1):103–12.

Maria ICD. Manejo e conservação do solo e da água. Sbcs; 2019.

Hartmann M, Six J. Soil structure and microbiome functions in agroecosystems. Nat Rev Earth Environ. 2022; 4(1):4–18.

Bergey DH, Holt JG, Bergey DH, organizadores. Bergey's manual of determinative bacteriology. 9. ed., [Nachdr.]. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins; 2000; 787 p.

Ruis M, Fröder H, Perez KJ. Genetic Diversity Quantification and Characterization of Spore-Forming Bacteria Isolated from Milk Powder Produced in Rio Grande Do Sul, Brazil. Braz arch biol technol. 2025; 68:e25231069.

Guo P, Zhang K, Ma X, He P. *Clostridium* species as probiotics: potentials and challenges. J Animal Sci Biotechnol. 2020; 11(1):24.

List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN). [citado 24 de outubro de 2023]. Disponível em: <https://www.bacterio.net/>.

Silva N, Junqueira VCA, Taniwaki MH, Gomes RAR, Okazaki MM. Manual de métodos de análise microbiológica de alimentos e água. Editora Edgard Blucher; 2022.

Chogi MAN, Araujo ACV, Prado PF do, Silva DB da, José Da Silva AJ da, Silva G, Duarte ICS. Production Of Biofuel And Organic Acids For Adding Value To Cassava Wastewater. Rev Virtual Quim. 2020; 12(1):89–98.

Chogi MAN, Araújo ACV, Silva AJ da, Duarte ICS. Produção de butanol e etanol a partir da manipueira. Rev Hipótese, Bauru. 2022;4(2):14–22.

Becker J, Wittmann C. Metabolic Engineering of *Corynebacterium glutamicum*. Em: Nielsen J, Stephanopoulos G, Lee SY, organizadores. Metabolic Engineering . 1º ed. Wiley; 2021; p. 403–68. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/9783527823468.ch12>

Silva IEDD, Virgílio LEF, Santos CCLD, Lima SDO, Araújo HWCD. Produção de biosurfactantes a partir de resíduos agroindustriais: Uma revisão. Em: Oliveira AM, Guimarães OS, organizadores. Engenharia, Gestão e Inovação – v 7. Editora Poisson; 2023 [citado 6 de setembro de 2025]. Disponível em: http://poisson.com.br/livros/engenharia/gestao_inovacao/volume7/Engenharia_Gestao_vol7.pdf

Dos Santos G, Colombo TE. Prevalência de *pseudomonas aeruginosa* em águas e superfície. J Health Sci Inst. 2015; 33(4):314–8.

Pseudomonas na indústria de alimentos [Internet]. Neoprospecta. 2019 [citado 22 de outubro de 2023]. Disponível em: <https://blog.neoprospecta.com/pseudomonas-industrias-alimentos/>

Brumano LP, Soler MF, Da Silva SS. Recent Advances in Sustainable Production and Application of Biosurfactants in Brazil and Latin America. Industrial Biotechnology. fevereiro de 2016; 12(1):31–9.

Damaceno JDM, Bispo LDO, De Carli C, Cavichi LV, Schmidt CAP, Feltrin VP, Genena AK, Pereira C. Symbiotic profile of petit suisse diet cheese with added brazilian nuts extract, *Bifidobacterium bifidum* and *Lactobacillus paracasei*. OLEL. 2024; 22(1):284–96.

Cavalcante GS. Avaliação da produção de ácido láctico a partir de manipueira e microrganismos autóctones em sistemas anaeróbios [Doutorado Direto em Hidráulica e Saneamento]. [São Carlos]: Universidade de São Paulo; 2021 [citado 5 de setembro de 2025]. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/18/18138/tde-04042022-142759/>

Fessard A, Remize F. Why Are Weissella spp. Not Used as Commercial Starter Cultures for Food Fermentation? Fermentation. 2017; 3(3):38.

Brito BDNDC, Christé RC, Lopes AS, Glória MBA, Pena R da S. Influence of spontaneous fermentation of manipueira on bioactive amine and carotenoid profiles during tucupi production. Food Res Int. 2019; 120:209–16.

Elijah AI, Atanda OO, Popoola AR, Uzochukwu SVA. Molecular Characterization and Potential of Bacterial Species Associated with Cassava Waste. Niger Food J. 2014; 32(2):56–65.

Ehling-Schulz M, Messelhäusser U. Bacillus “next generation” diagnostics: moving from detection toward subtyping and risk-related strain profiling. Front Microbiol. 2013 [citado 5 de setembro de 2025];4. Disponível em: <http://journal.frontiersin.org/article/10.3389/fmicb.2013.00032/abstract>

Kummer L, Nat Aacute Ssia JC, Glauca MP, Simiqueli APR, Vander DFM, Simone DG. Adsorption of copper, zinc and lead on biosurfactant produced from cassava wastewater. Afr J Biotechnol. 2016; 15(5):110–7.

Chinellato RAM, Fernandes AJ, Fontes RFC. Diversidade e sucessão bacteriana em sedimentos contaminados por hidrocarbonetos, derivados e por dispersão de espumas para controle de incêndio (AFFF), no Estuário de Santos – SP [Dissertação de mestrado Biodiversidade Aquática - IBCLP]. [São Vicente]: Universidade Estadual Paulista (Unesp);

Calvo C, Manzanera M, Silva-Castro GA, Uad I, González-López J. Application of bioemulsifiers in soil oil bioremediation processes. Future prospects. Science of The Total Environment. 2009; 407(12):3634–40.

Taylor TA, Unakal CG. *Staphylococcus aureus* Infection. Em: StatPearls. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 [citado 6 de setembro de 2025]. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK441868/>

Santana JA, Silva BA, Trevizani NAB, Souza AMAE, Lima GMND, Furtado NRM, Lobato FCF, Silva ROS. Isolation and antimicrobial resistance of coagulase-negative *staphylococci* recovered from healthy tortoises in Minas Gerais, Brazil. Cienc Rural. 2022; 52(7):e20210354.

Fernandes AWC, Dos Anjos Santos VL, Araújo CRM, De Oliveira HP, Da Costa MM. Anti-biofilm Effect of β-Lapachone and Lapachol Oxime Against Isolates of *Staphylococcus aureus*. Curr Microbiol. 2020; 77(2):204–9.

Ikuta KS, Swetschinski LR, Robles Aguilar G, Sharara F, Mestrovic T, Gray AP, et al. Global mortality associated with 33 bacterial pathogens in 2019: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019. The Lancet. 2022; 400(10369):2221–48.

Soobhany N. Preliminary evaluation of pathogenic bacteria loading on organic Municipal Solid Waste compost and vermicompost. J. Environ. Manage. 2018; 206:763–7.

Gomes I, Silva MMPD, Gomes RB, Barros AT, Farias FLB, Silva PMDFE, Luna KPDO, Ceballos BSOD, Araújo ECDS. Enterobactérias em sistemas de tratamento aeróbio de resíduos sólidos orgânicos domiciliares. RICA. 2021;12(5):77–93.

Fernández-Bravo A, Figueras MJ. An Update on the Genus Aeromonas: Taxonomy, Epidemiology, and Pathogenicity. Microorganisms. 2020;8(1):129.

Chen PL, Lamy B, Ko WC. *Aeromonas dhakensis*, an Increasingly Recognized Human Pathogen. Front Microbiol [Internet]. 27 de maio de 2016 [citado 5 de setembro de 2025]. Disponível em: <http://journal.frontiersin.org/Article/10.3389/fmicb.2016.00793/abstract>

Kim KT, Lee SH, Kwak D. Prevalence, biochemical characteristics and antibiotics susceptibility of aeromonads, vibrios, and plesiomonads isolated from different sources at a zoo. J. Zoo Wildlife Med. junho de 2015; 46(2):298–305.

Janda JM, Abbott SL, McIver CJ. *Plesiomonas shigelloides* Revisited. Clin Microbiol Rev. abril de 2016; 29(2):349–74.

Lima SAO, Freitas AJR, Andrade HA. Diversidade da malacofauna associada à distribuição de *Anomalocardia flexuosa* (Linnaeus, 1767) (Mollusca: Bivalvia) em uma praia arenosa tropical. Biotemas. 12 de dezembro de 2019; 32(4):51–62.

Begon M, Harper JL, Townsend CR. Ecology: individuals, populations and communities. 3. ed., reprint. Boston: Blackwell; 2003; 1068 p.