

Universidade Federal de Pernambuco
Centro de Biociências
Curso de Pós-Graduação em Biologia de Fungos

IOLANDA RAMALHO DA SILVA

**FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EM RESTINGAS
CONTINENTAIS E INSULARES DO BRASIL**

Recife

2017

IOLANDA RAMALHO DA SILVA

**FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EM RESTINGAS
CONTINENTAIS E INSULARES DO BRASIL**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação
em Biologia de Fungos da Universidade
Federal de Pernambuco, como requisito parcial
à obtenção do título de doutora em Biologia de
Fungos.

Orientadora: Profa. Dra. Leonor Costa Maia

Co-orientador: Dr. Francisco Adriano de Souza

Recife

2017

Catálogo na Fonte:
Bibliotecária Elaine Cristina Barroso, CRB-4/1728

Silva, Iolanda Ramalho da

Fungos micorrízicos arbusculares em restingas continentais e insulares do Brasil. /
Iolanda Ramalho da Silva– Recife: O Autor, 2017.

183 f.:il., fig., tab.

Orientadora: Leonor Costa Maia

Coorientador: Francisco Adriano de Souza

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Pernambuco. Centro de
Biociências. Biologia de Fungos, 2017.

Inclui referências

1. Fungos 2. Micorriza 3. Restingas I. Maia, Leonor Costa (orient.) II. Souza,
Francisco Adriano de (coorient.) III. Título

579.5

CDD (22.ed.)

UFPE/CCB-2017-356

IOLANDA RAMALHO DA SILVA
FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EM RESTINGAS
CONTINENTAIS E INSULARES DO BRASIL

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação em
Biologia de Fungos da Universidade Federal de
Pernambuco, como requisito parcial à obtenção do
título de doutora em Biologia de Fungos.

Aprovada em: 22/02/2017

COMISSÃO EXAMINADORA

Dr. Francisco Adriano de Souza/Embrapa Milho e Sorgo

Dra. Marcela Claudia Pagano/Universidade Federal de Minas Gerais

Dra. Ana Maria Benko Iseppon/Universidade Federal de Pernambuco

Dr. Gladstone Alves da Silva/Universidade Federal de Pernambuco

Dra. Elaine Malosso/Universidade Federal de Pernambuco

Dedico esta tese à minha avó Elvira (in memoriam), uma das pessoas que jamais vou esquecer.

AGRADECIMENTOS

À Deus, sem Ele nada seria possível.

À minha mãe, Maria da Conceição, que sempre me incentivou a batalhar honestamente para alcançar os meus objetivos.

À minha saudosa avó Elvira, que contribuiu com a minha educação me apoiando com uma dedicação incondicional.

A Jailton, pelo apoio e carinho em todos os momentos da minha vida.

Ao meu namorado, Reginaldo Ferreira Neto, pela ajuda incondicional, compreensão, paciência, companheirismo e por todo amor e carinho que me alegra e fortalece.

Aos meus orientadores Leonor Costa Maia e Francisco Adriano de Souza, pela orientação, confiança, incentivo e paciência.

Ao Dr. Fritz Oehl, pela sua colaboração ao longo da minha formação acadêmica.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Catarina Mello, Danielle Karla, Danielle Magna, Edvaneide Leandro, Frederico Marinho, Juliana Souza, Larissa Vieira e Mayra Silva, pela amizade, apoio na execução de algumas etapas do trabalho, momentos de descontração e troca de experiências.

Aos colegas do Laboratório de Micorrizas, Araeska Ferreira, Camilla Pereira, Cláudia Lima, Inácio Pascoal, Indra Escobar, Ingrid Lino, Joana Suassuna, José Hilton, Natália Sousa e Vilma Santos, pelo companheirismo e ajuda em algumas etapas do trabalho.

Aos colegas de turma do doutorado pelos momentos de aprendizado e descontração durante as disciplinas.

À Dra. Dorothy Sue Dunn de Araújo, por ter auxiliado com a identificação das espécies vegetais.

À Beatriz de Barros Barreto, pelo auxílio durante as coletas de amostras no Rio de Janeiro. E a todos que contribuíram direta e indiretamente com as coletas ao longo do Brasil.

À Fundação de Amparo a Ciência de Pernambuco (FACEPE), pela concessão da bolsa de mobilidade estudantil para execução de parte do trabalho na Embrapa Milho e Sorgo.

À Embrapa Milho e Sorgo, pela estrutura para a realização do trabalho e à equipe do Núcleo de Biologia Aplicada pelo suporte nas análises moleculares em especial à Sirlene Nunes e Beatriz Barros.

Ao Programa Ciência sem Fronteiras, pela concessão da bolsa de doutorado sanduíche.

À Dra. Maarja Öpik, pelos ensinamentos durante o período de doutorado sanduíche e aos colegas que conheci no Botanical Garden of Tartu, Estônia, em especial a Teele Jairus, Martti Vasar, David García de León, Elâine Ribeiro, Pille Gerhold, Lena Neuenkamp, Maret Gerz, Inga Hiiesalu e Guillermo Bueno, pelo apoio na execução de algumas etapas do trabalho, aprendizados e momentos de descontração.

Aos membros da banca examinadora, Dr. Francisco Adriano, Dra. Marcela Pagano, Dra. Ana Maria Benko Iseppon, Dr. Gladstone Alves da Silva e Dra. Elaine Malosso, pelas valiosas correções e sugestões.

E a todos que contribuíram de alguma forma para a realização deste trabalho.

“Ninguém pode ser escravo de sua
identidade: quando surge uma possibilidade de
mudança é preciso mudar.”

Elliot Gould

RESUMO

Restingas e dunas costeiras são ecossistemas ecologicamente importantes que abrigam diversas comunidades biológicas e fornecem serviços relevantes para manutenção de populações humanas. Porém, são ambientes ainda pouco estudados e muito impactados pela atividade antrópica, sobretudo em áreas tropicais. Visando a conservação das restingas e dunas de forma mais eficiente e considerando a importância dos fungos micorrízicos arbusculares (FMA) para estabilização e diversificação de comunidades vegetais, este estudo objetivou determinar a diversidade e os padrões de distribuição de comunidades de FMA destacando os fatores relacionados à estruturação dessas comunidades presente nos solos e associadas às espécies vegetais pioneiras (*Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* e quatro espécies de Poaceae – *Panicum racemosum*, *Stenotaphrum secundatum*, *Spartina* sp. e uma espécie de Poaceae indeterminada) em restingas tropicais e subtropicais. Foram testadas as seguintes hipóteses: (1) comunidades de FMA são localmente estruturadas e espacialmente diversas; (2) as comunidades de FMA em dunas costeiras são ricas em número de espécies e em número de famílias; (3) características ambientais (fatores edáficos e climáticos) e distância entre os locais são determinantes da diversidade beta de FMA; (4) há diferença entre a riqueza de táxons encontrada no solo e nas raízes; (5) comunidades de FMA em ambientes continentais são mais similares entre si do que as comunidades presentes em ambientes insulares próximos. As comunidades de FMA associadas a raízes das espécies vegetais foram determinadas utilizando sequências de *Illumina MiSeq* obtidas a partir de amplificação de um fragmento de 560 pares de bases do SSU rDNA, enquanto as comunidades de FMA no solo foram identificadas com base na morfologia de glomerosporos. No total foram registrados 59 táxons de FMA no solo, agrupados em 19 gêneros que representam metade dos gêneros reconhecidos para Glomeromycota. Com base no banco de glomerosporos, apenas não foram identificados representantes de Archaeosporaceae, Pacisporaceae, Paraglomeraceae e Sacculosporaceae, porém foram obtidas sequências relacionadas a Archaeosporaceae e Paraglomeraceae. Um total de 130 táxons virtuais (VTs) de FMA foi identificado colonizando raízes dos três principais grupos vegetais presentes nos ambientes costeiros tropicais e subtropicais estudados. Os VTs registrados estão distribuídos em 10 famílias de Glomeromycota; apenas não foram identificadas sequências relacionadas a Ambisporaceae, Intraornatosporaceae, Pacisporaceae e Sacculosporaceae, contudo a partir de glomerosporos foi possível identificar espécies de Ambisporaceae e Intraornatosporaceae nas áreas estudadas. De forma geral, as comunidades de FMA diferiram entre regiões, locais e entre restingas continentais e insulares. Restingas e dunas costeiras abrigam elevada riqueza de FMA no solo e associada a *I. pes-caprae*, *C. rosea* e Poaceae. Diferentes grupos vegetais costeiros abrigam comunidades de FMA similares e características espaciais e climáticas são os principais fatores relacionados a estruturação dessas comunidades em ambientes costeiros do Brasil.

Palavras-chave: Glomeromycota. Glomerosporos. Ambientes costeiros. SSU rDNA . Análise metagenômica.

ABSTRACT

Coastal restingas and sand dunes are important ecosystems to harbor biological communities' diversity and to provide relevant services for the human populations. However, these environments are poorly studied and they are highly impacted due to antropogenic activities, mainly in tropical areas. Considering the importance of restingas and sand dunes conservation and the role played by the arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) for the stabilization and diversification of plant communities, this study aimed to determine the AMF communities' diversity and patterns identifying factors shaping these communities in soil and colonizing pioneer plant species (*Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* and four Poaceae species – *Panicum racemosum*, *Stenotaphrum secundatum*, *Spartina* sp., and an undetermined Poaceae species) in tropical and subtropical restingas of Brazil. The following hypotheses were tested: (1) AMF communities are locally structured and these communities are diverse on local scale; (2) AMF communities in coastal dunes are rich in number of AMF species and families; (3) environmental characteristics (edaphic and climatic factors) and distance between sites are key determinants of beta diversity (community turnover) of AMF; (4) there is difference in the AMF richness between soil and roots samples; (5) AMF communities in mainland environments are more similar to each other than the AMF communities of islands closer. The composition of AMF communities colonizing roots of plant species was determined using Illumina MiSeq sequencing, from a fragment of 560 base SSU rDNA, and also glomerospores in soil based to morphological approaches. Overall, we recorded 59 AMF taxa in the soil belonging to 19 genera and 10 families. These genera represent half of the genera currently described to Glomeromycota. We did not register only members of Archaeosporaceae, Pacisporaceae, Paraglomeraceae, and Sacculosporaceae from glomerospores in soil, but it was possible to identify sequences related to Archaeosporaceae and Paraglomeraceae. We registered 130 virtual taxa (VTs) colonizing roots of three plant groups that occur in the studied tropical and subtropical coastal environments. The VTs identified belong to 10 families of Glomeromycota. We did not register sequences of Ambisporaceae, Intraornatosporaceae, Pacisporaceae; and Sacculosporaceae, but Ambisporaceae and Intraornatosporaceae species were identified from the sampled areas. In general, the composition of AMF communities differed among regions, sites and between island and mainland. Restingas and sand dunes harbor high AMF richness in the soil and colonizing roots of *I. pes-caprae*, *C. rosea* and Poaceae. Coastal vegetation groups harbor similar AMF communities and spatial and climatic characteristics are the main factors related to the structuring of AMF communities in coastal environments in Brazil.

Key-words: Glomeromycota. Glomerospores. Coastal environments. SSU rDNA. Metagenomics analysis.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Distribuição geográfica de populações de <i>Ipomoea pes-caprae</i>	27
Figura 2 – Ramas (a) e flor (b) de <i>Ipomoea pes-caprae</i> subespécie <i>brasiliensis</i> na praia do Boldró, APA de Fernando de Noronha.	28
Figura 3 – Distribuição pantropical de <i>Canavalia rosea</i>	29
Figura 4 – Distribuição de indivíduos (a) e flor (b) de <i>Canavalia rosea</i> em uma área de restinga, em Mataraca – PB	30
Figura 5 – Mapa mostrando a riqueza de endemismo de plantas vasculares (a), vertebrados terrestres (b), anfíbios (c), répteis (d), pássaros (e) e mamíferos (f).....	32
Figura 6 – Locais de coleta de amostras de raízes e solo ao longo da costa litorânea do Brasil.....	57
Figura 7 – Locais de amostragem de raízes e solo ao longo da costa litorânea do Brasil: praias do Boldró (a-b) e da Conceição (c) na APA Fernando de Noronha - PE, Mataraca - PB (d-f), praia do Abaís na APA Litoral Sul, Estância - SE (g-i).....	57
Figura 8 – Locais de amostragem de raízes e solo ao longo da costa litorânea do Brasil: praia do Grumari na APA Grumari, Rio de Janeiro - RJ (a-c), praia Lopes Mendes no PEIG, Angra dos Reis - RJ (d-e), praia da Armação, em Florianópolis - SC (f).....	58
Figura 9 – Climograma representando as médias anuais de temperatura e precipitação acumulada para locais próximos as áreas de estudo	59
Figura 10 – Região alvo do rDNA e localização dos primers do fragmento proposto por Krüger	67
Figura 11 – Região alvo do SSU rDNA e localização dos primers utilizados no presente estudo (NS31-AML2).....	69
Figura 12 – Curvas de acumulação de espécies com base em amostras de campo comparando a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) observada (Obs) e esperada (Esp) para continente e ilha	80
Figura 13 – Curvas de acumulação de espécies com base em amostras de culturas armadilha comparando a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) observada (Obs) e esperada (Esp) para continente e ilha.....	80

Figura 14 – Diagrama de Venn mostrando a riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) identificada a partir de amostras coletadas diretamente no campo e de culturas armadilha	81
Figura 15 – Riqueza de táxons (a) e abundância de glomerosporos (b) por ordem de Glomeromycota em cada local estudado (RN – praia das Minas, FN – Fernando de Noronha, RJ – praia do Grumari, IG – praia Lopes Mendes, SC – praia do Paiquerê e FL – praia da Armação).....	86
Figura 16 – Curvas de acumulação de espécies comparando a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) observada (Obs) e esperada (Esp) para continente e ilha considerando dados de campo e de culturas armadilha	87
Figura 17 – Diagrama de Venn mostrando a riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) identificada em amostras coletadas no continente e em áreas insulares.....	88
Figura 18 – Análises de correspondência canônica de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA): (a) comparando continente e ilha, (b) comparando as comunidades de FMA registradas em cada local e (c) mostrando os principais fatores relacionados a estruturação de comunidades de FMA em restingas continentais e insulares do Brasil .	89
Figura 19 – Combinação dos atributos edáficos do solo ao longo das áreas amostradas mostrando a influência dos dos teores de ferro (Fe), areia grossa (CoarseSand) e areia fina (FineSand) para separação das áreas (Paraíba - PB, Rio Grande do Norte - RN, Rio de Janeiro - RJ, Sergipe - SE e Santa Catarina - SC) com base em PCA	92
Figura 20 – Colonização total por fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina) ...	95
Figura 21 – Colonização arbuscular em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	96
Figura 22 – Colonização por vesículas em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos	

(chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	97
Figura 23 – Colonização por hifas em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	98
Figura 24 – Esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	99
Figura 25 – Colonização total por fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Canavalia rosea</i> coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)	100
Figura 26 – Colonização arbuscular em raízes de <i>Canavalia rosea</i> coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, RJ - Rio de Janeiro).....	100
Figura 27 – Colonização por vesículas em raízes de <i>Canavalia rosea</i> coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)	101
Figura 28 – Colonização por hifas em raízes de <i>Canavalia rosea</i> coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)	101
Figura 29 – Porcentagem de esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Canavalia rosea</i> coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)	102
Figura 30 – Colonização micorrízica total em espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	102
Figura 31 – Colonização arbuscular em raízes de espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos	

(chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	104
Figura 32 – Colonização por vesículas em raízes de espécies de Poaceae coletadas em diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), em dois períodos (chuvoso e seco) e em diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	105
Figura 33 – Esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)	106
Figura 34 – Colonização por hifas de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina) .	107
Figura 35 – Colonização total (a, b) e colonização por hifas (c, d) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> (IP), <i>Canavalia rosea</i> (CR) e <i>Panicum racemosum</i> (PR) coletadas em Mataraca (PB).....	108
Figura 36 – Colonização por arbúsculos (a), esporos (b) e vesículas (c) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> (IP), <i>Canavalia rosea</i> (CR) e <i>Panicum racemosum</i> (PR) em amostras coletadas em Mataraca (PB)	109
Figura 37 – Colonização de raízes por vesículas (a), hifas (b) e esporos (c) em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> (IP), <i>Canavalia rosea</i> (CR) e <i>Panicum racemosum</i> (PR) coletadas na praia das Minas, no Rio Grande do Norte (RN).....	110
Figura 38 – Colonização de raízes por arbúsculos (a) e esporos (b) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em SE (Sergipe).....	111
Figura 39 – Colonização arbuscular de raízes coletadas em SC (Santa Catarina)	112
Figura 40 – Comparação entre a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) (a) e a abundância de esporos de FMA (b) recuperados diretamente de amostras de solo de campo em relação ao recuperado a partir de culturas armadilha	113
Figura 41 – Curva de acumulação de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) considerando todas as amostras coletadas (a) e curva de extrapolação (b)	116

Figura 42 – Curvas de acumulação de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) para cada local (Mataraca – PB, Praia das Minas – RN, Praia do Abaís – SE, Praia do Grumari – RJ e Praia do Paiquerê – SC)	117
Figura 43 – Riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em amostras de solo sob influência de <i>Ipomoea pes-caprae</i> (a), <i>Canavalia rosea</i> (b) e espécies de Poaceae (c) em dunas e restingas do Brasil.....	118
Figura 44 – Diversidade de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em amostras de solo sob influência de <i>Ipomoea pes-caprae</i> (a), <i>Canavalia rosea</i> (b) e espécies de Poaceae (c) em dunas e restingas do Brasil	119
Figura 45 – Diagrama de Venn mostrando a riqueza de morfoespécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) entre regiões do Brasil	121
Figura 46 – Correlação entre o número de sequências de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) obtidas e a porcentagem de colonização micorrízica.....	122
Figura 47 – Curva de acumulação de VTs de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) considerando as amostras de raízes dos três grupos vegetais estudados (a) e curva de extrapolação (b)	131
Figura 48 – Riqueza (a) e diversidade (b) de VTs de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> , <i>Canavalia rosea</i> e espécies de Poaceae em dunas e restingas do Brasil.....	132
Figura 49 – Riqueza de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) colonizando raízes de cada grupo vegetal em dunas e restingas do Brasil.....	132
Figura 50 – Riqueza de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) (a) e percentual de sequências obtidas (b) por ordem de Glomeromycota em cada local estudado.....	133
Figura 51 – Diagrama de Venn mostrando o número de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) que são únicos e compartilhados entre as diferentes espécies vegetais	134
Figura 52 – Diagrama de Venn mostrando o número de gêneros únicos e compartilhados de Glomeromycota entre as amostras de solo (com base em esporos) e os identificados a partir de amostras de raízes	136

Figura 53 – Perfil da comunidade de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) com base na riqueza de táxons por gêneros de Glomeromycota: (a) identificação morfológica de glomerosporos presentes nas amostras de solo; (b) identificação com base em sequências obtidas de DNA extraído de raízes.....	137
Figura 54 – Abundância relativa de esporos de Acaulosporaceae (a), Racocetraceae (b) e Scutellosporaceae (c) em dunas e restingas do Brasil	138
Figura 55 – Análise de correspondência canônica (CCA) da composição de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) mostrando os principais fatores relacionados a comunidades de FMA identificadas a partir do banco de esporos nos solos.....	139
Figura 56 – Análise de correspondência canônica (CCA) das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em dunas e restingas do Brasil entre as regiões Nordeste (NE), Sudeste (SE) e Sul (S) com base em sequências de DNA extraído de raízes	141
Figura 57 – Curva de acumulação de espécies de FMA (a) e curva de extrapolação (b) com base em dados morfológicos e moleculares	142
Figura 58 – Análise de correspondência canônica (CCA) mostrando os principais atributos relacionados à composição de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em dunas e restingas do Brasil com base no banco de esporos no solo e sequências de DNA extraído de raízes	143

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Classificação atual do Filo Glomeromycota	36
Tabela 2 – Informações sobre os locais de coleta de raízes e solo ao longo da costa litorânea do Brasil.....	53
Tabela 3 – Atributos físicos de solos coletados em restingas continentais e insulares do Brasil.....	74
Tabela 4 – Atributos químicos de solos coletados em áreas de restingas continentais e insulares do Brasil	75
Tabela 5 – Abundância relativa de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em restingas continentais e insulares do Brasil baseada em amostras de solo coletadas diretamente do campo e de culturas armadilha em cada local	77
Tabela 6 – Abundância relativa de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) sob influência de <i>Ipomoea pes-caprae</i> (IP) e espécies de Poaceae (Po) em restingas continentais e insulares do Brasil.....	83
Tabela 7 – Riqueza (S) e diversidade (H') de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) por ambientes e locais.....	87
Tabela 8 – Atributos físicos de solos coletados em dunas e restingas ao longo da costa litorânea do Brasil (RN, PB e SE na região Nordeste, RJ no Sudeste e SC no Sul)	91
Tabela 9 – Atributos químicos de solos coletados em dunas e restingas ao longo da costa litorânea do Brasil	93
Tabela 10 – Abundância relativa das espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) identificadas em dunas e restingas do Brasil	114
Tabela 11 – Resultados da análise de espécies indicadoras de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e respectivos valores de indicação (IndVal) para locais e regiões	120
Tabela 12 – Abundância relativa de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) para cada espécie vegetal em dunas e restingas do Brasil	123
Tabela 13 – Táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) indicadores associados a raízes de <i>Ipomoea pes-caprae</i> , <i>Canavalia rosea</i> e Poaceae ao longo de dunas e restingas, nas regiões Nordeste (NE), Sudeste (SE) e Sul (S) do Brasil	135

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	20
1.1 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	22
1.1.1 Restingas e dunas costeiras	22
1.1.2 Comunidades vegetais costeiras	24
1.1.3 <i>Ipomoea pes-caprae</i>	26
1.1.4 <i>Canavalia rosea</i>	28
1.1.5 Espécies de Poaceae em ambientes costeiros.....	30
1.1.6 Biodiversidade em ambientes insulares e continentais	31
1.1.7 Micorrizas e fungos micorrízicos arbusculares (FMA).....	35
1.1.8 Técnicas para estudo de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)	38
1.1.9 Diversidade e ecologia de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)	44
1.1.10 Fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em dunas e restingas continentais e insulares.....	47
1.2 OBJETIVOS	50
1.2.1 Objetivo Geral	50
1.2.2 Objetivos Específicos.....	51
1.3 MATERIAIS E MÉTODOS.....	51
1.3.1 Áreas de coleta	51
1.3.2 Amostragem geral (todos os locais incluindo restingas continentais e insulares) ...	62
1.3.3 Análises dos atributos físicos e químicos do solo	63
1.3.4 Determinação da taxa de colonização micorrízica	63
1.3.5 Culturas armadilha	64
1.3.6 Extração de glomerosporos e esporocarpos, quantificação e identificação de espécies de FMA	65

1.3.7 Análises Moleculares	65
1.3.8 Análises de bioinformática.....	69
1.3.9 Análises estatísticas e ecológicas.....	71
2 RESULTADOS	74
2.1 RESTINGAS CONTINENTAIS E INSULARES: HABITATS PARA COMUNIDADES DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES (FMA)	74
2.1.1 Atributos edáficos.....	74
2.1.2 Riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)	76
2.1.3 Riqueza total de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA).....	81
2.1.4 Composição das comunidades de FMA	88
2.2 COMUNIDADES DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES (FMA) AO LONGO DE UM GRADIENTE LATITUDINAL EM DUNAS E RESTINGAS DO BRASIL: UMA ABORDAGEM REGIONAL.....	91
2.2.1 Atributos do solo.....	91
2.2.2 Colonização radicular por fungos micorrízicos arbusculares (FMA)	94
2.2.3 Riqueza de morfoespécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)	112
2.2.4 Riqueza de VTs de fungos micorrízicos arbusculares (FMA).....	121
2.2.5 Comparação da riqueza de morfoespécies e táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)	135
2.2.6 Composição e fatores estruturadores de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) com base no banco de esporos no solo	138
2.2.7 Composição e fatores estruturadores de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) com base em sequências obtidas de DNA extraído de raízes	140
2.2.8 Composição das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) a partir de dados morfológicos e moleculares	141
3 DISCUSSÃO	144
3.1 RESTINGAS CONTINENTAIS E INSULARES: HABITATS PARA COMUNIDADES DE FMA	144

3.2 COMUNIDADES DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES (FMA) AO LONGO DE UM GRADIENTE LATITUDINAL EM DUNAS E RESTINGAS DO BRASIL: UMA ABORDAGEM REGIONAL.....	147
4 CONSIDERAÇÕES GERAIS	154
REFERÊNCIAS	156
APÊNDICE A – DADOS CLIMÁTICOS UTILIZADOS NAS ANÁLISES	180
APÊNDICE B – PRIMEIRO ARTIGO PUBLICADO	182
APÊNDICE C – SEGUNDO ARTIGO PUBLICADO	183

1 INTRODUÇÃO

Restingas e dunas costeiras são ecossistemas de extrema relevância por contribuir diretamente com a manutenção de populações humanas e abrigar diversas comunidades biológicas. Contudo, esses ambientes são um dos mais ameaçados por ações antrópicas relacionadas à urbanização, recreação, turismo, poluição, extração de minérios, entre outros, que têm afetado negativamente a manutenção da biodiversidade e serviços ecológicos costeiros (AMARAL et al., 2016; ROCHA et al., 2007).

As restingas são ecossistemas paralelos à linha costeira, distribuídos sobre depósitos arenosos litorâneos, formados por movimentos de transgressão e regressão marinhos durante o Pleistoceno e Holoceno (COUTINHO, 2006; SILVA, 2003). Esses ecossistemas também são caracterizados pela deposição de sedimentos de origem fluvial lagunar, eólica ou combinações destes; apresentam solos, geralmente, pouco desenvolvidos (COUTINHO, 2006; FERNANDES; QUEIROZ, 2014) e vegetação bastante heterogênea com estratos desde herbáceos até arbóreos (MENEZES et al., 2012).

O componente herbáceo das restingas, localizado próximo à linha de maré e que recebe forte influência do spray marinho, é caracterizado por apresentar baixa riqueza de táxons, com espécies que apresentam adaptações para suportar as condições ambientais extremas, como seca, salinidade, insolação, forte atuação de ventos, instabilidade do substrato e baixa fertilidade do solo (SILVA, 2003; YAMATO; IKEDA; IWASE, 2008). Entre as principais espécies vegetais presentes nesse tipo de estrato podem ser citadas: *Ipomoea pes-caprae* (L.) R.Br., *Canavalia rosea* (Sw.) DC. e espécies de Poaceae, como *Panicum racemosum* (P.Beauv.) Spreng., que se distribuem em áreas tropicais e subtropicais do mundo (ÁLVAREZ-MOLINA et al., 2013; GUADARRAMA et al., 2008; MATOS et al., 2004; TABAJARA et al., 2013).

Como importantes componentes dos ecossistemas terrestres, os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) também ocorrem em ambientes costeiros do mundo (MAUN, 2009). Esses fungos se associam com a maioria das espécies vegetais, constituem recursos bióticos capazes de disponibilizar maior aporte nutricional aos seus hospedeiros e, consequentemente, afetar a coexistência das comunidades vegetais (VAN DER HEIJDEN; WIEMKEN; SANDERS, 2003). A habilidade de competição de espécies vegetais por nutrientes não depende apenas das características morfo-fisiológicas de cada espécie, mas também dos simbiontes micorrízicos associados às raízes (VAN DER HEIJDEN; WIEMKEN; SANDERS, 2003).

Embora os FMA sejam caracterizados por não apresentar especificidade por espécies ou grupos vegetais, estudos têm apontado que podem apresentar preferência hospedeira (ÖPIK

et al., 2009; PAGANO; ZANDAVALLI; ARAÚJO, 2013; SÝKOROVÁ; WIEMKEN; REDECKER, 2007; VANDENKOORNHUYSE et al., 2002, 2003; YANG et al., 2012) e/ou ecossistêmica (KIVLIN; HAWKES; TRESEDER, 2011; ÖPIK et al., 2006, 2010). Além disso, características e manejo do solo (JANSA et al., 2002, 2014; OEHL et al., 2010), fatores climáticos, sazonais, temporais e espaciais influenciam a composição das comunidades de FMA (DAVISON et al., 2011, 2015; JANSA et al., 2014; LEKBERG et al., 2007; MOORA et al., 2011; PÖLME et al., 2016; XU et al., 2016).

Diversos estudos sobre esses fungos têm sido desenvolvidos em áreas costeiras continentais e insulares do mundo: Austrália (KOSKE, 1975), Itália (TURRINI et al., 2008), Holanda (KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002), Portugal (RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006), Espanha (ESTRADA et al., 2011) e EUA (KOSKE; GEMMA, 1997). Ao longo da costa brasileira, pesquisas foram realizadas com fins taxonômicos ou com objetivo de determinar a diversidade local desse grupo de fungos (ARAÚJO et al., 2004; BŁASZKOWSKI et al., 2014; CORDAZZO; STURMER, 2007; DA SILVA et al., 2012, 2015a, 2015b; DE ASSIS et al., 2016; DE SOUZA et al., 2010; GOTO et al., 2011, 2012a, 2009, 2010; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013; TRUFEM; MALATINSZKY; OTOMO, 1994).

Os estudos no Brasil foram conduzidos utilizando exclusivamente a taxonomia morfológica, baseada na análise de glomerosporos, detectando de 29 a 54 espécies de FMA e observando que as comunidades de Glomeromycota eram estruturadas pela vegetação e características ambientais (DA SILVA et al., 2012, 2015a, 2015b; DE ASSIS et al., 2016; DE SOUZA et al., 2012, 2013). Estas pesquisas foram de grande importância para o entendimento sobre a distribuição de FMA em dunas e restingas, contudo, nenhuma delas determinou as comunidades efetivamente associadas a espécies vegetais.

De forma geral, poucos estudos determinaram as comunidades de FMA associada a raízes de espécies vegetais costeiras. Pesquisas desse tipo foram conduzidas apenas nos Estados Unidos (JOHANSEN et al., 2016), Holanda (KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002), Japão (KAWAHARA; EZAWA, 2013; YAMATO et al., 2012; YAMATO; IKEDA; IWASE, 2008), Nova Zelândia (JOHANSEN et al., 2015) e Portugal (RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006) e indicaram que as dunas marítimas abrigam táxons únicos e significativa diversidade de FMA. Além disso, as informações sobre os principais fatores influenciadores desses fungos em escala regional ainda não são conclusivas, alguns estudos indicam que as espécies vegetais são os principais influenciadores dos FMA, enquanto outros

destacam a importância do solo, fatores climáticos ou distância espacial (DAVISON et al., 2015; JANSÁ et al., 2014; XIANG et al., 2016; XU et al., 2016).

Dados sobre as comunidades de FMA colonizando raízes de espécies vegetais em áreas de dunas e restingas e os fatores relacionados aos padrões de distribuição desses fungos em ambientes continentais e insulares do Brasil são relevantes para obtenção de informações sobre a biogeografia e ecologia de FMA em escala local, regional e entre regiões. A partir do desenho experimental deste estudo, cobrindo diferentes regiões com condições climáticas únicas, será possível observar a influência das condições climáticas regionais sobre a similaridade/dissimilaridade de comunidades de FMA em ambientes litorâneos.

1.1 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

1.1.1 Restingas e dunas costeiras

Restingas e dunas costeiras se distribuem em toda a zona litorânea, em áreas continentais e insulares (POLETO; BATISTA, 2008). No Brasil, ocorrem desde o cabo Orange, no Amapá, região Norte, até o Chuí, Rio Grande do Sul (AMARAL et al., 2016). Essas áreas são zonas transicionais, ou ecótonos, entre o oceano e o componente terrestre (MAUN, 2009; MCLACHLAN, 1991; WILLIAMS, 2007), sendo relevante para a manutenção de diversos serviços ambientais como proteção costeira, captação e purificação de água, controle de erosão, sequestro de carbono, além de ser habitat e nicho ecológico de diversas comunidades biológicas (BARBIER; HACKER; KENNEDY, 2011; DEL VECCHIO et al., 2015).

As restingas são ecossistemas paralelos à linha costeira, caracterizadas por apresentar depósitos arenosos produzidos por processos de sedimentação (COUTINHO, 2006; FERNANDES; QUEIROZ, 2014). Enquanto as dunas costeiras são sistemas arenosos, formadas pela atuação dos ventos e influenciadas pela zona litorânea (MCLACHLAN, 1991; PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013). As correntes litorâneas transportam os sedimentos que se depositam na faixa de praia pela atuação das ondas e marés (MCLACHLAN, 1991; PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013); esses sedimentos podem ser remobilizados pela ação de ventos formando campos dunares que se distribuem em todas as latitudes e podem variar de tropicais a temperadas e de secas a úmidas (MCLACHLAN, 1991). Além dos ambientes costeiros, as dunas também podem se distribuir em margens de lagos e rios ou em regiões áridas (MAUN, 2009).

A sucessão vegetal, a disponibilidade de nutrientes, a exposição a certos distúrbios e a dinâmica costeira influenciam o tipo de duna (PSUTY, 2004). As embrionárias ou móveis se distribuem da linha da maré até pontos mais elevados e estão sob influência direta do spray de água do mar (MAUN, 2009) e são formadas pela ação dos ventos que é um dos principais fatores atuantes em zonas litorâneas por influenciar o transporte de grãos de areia. Em geral, as dunas móveis caracterizam-se pela baixa diversidade vegetal, presença de espécies com limitado crescimento (hábito prostrado), rizomatosas, com raízes pivotantes que contribuem para obtenção de maior aporte de água, tolerantes a salinidade e que apresentam cera nas folhas, o que contribui para retenção de umidade (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013).

As áreas de dunas mais distantes do mar abrigam maior riqueza e diversidade de espécies, incluindo vegetais, e apresentam maior estabilidade que as dunas embrionárias (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013). Essas dunas são de extrema importância para a proteção da faixa litorânea de marés extremas e ondas de tempestades (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013). Alterações antrópicas nesses ambientes, como retirada da vegetação fixadora, por exemplo, podem causar a remobilização dos sedimentos e perda da diversidade biológica (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013).

Restingas e dunas são ambientes de fácil acesso para populações humanas que utilizam esses locais para atividades de recreação e turismo e os recursos gerados como fonte de sustento para a economia de diferentes cidades (AMARAL et al., 2016; KLEIN; OSLEEB; VIOLA, 2004). Contudo, a desenfreada exploração dos recursos naturais está ocasionando grandes impactos em áreas costeiras, afetando diretamente as suas comunidades biológicas, causando grandes perdas, considerando que esses ambientes não são prioritários para pesquisa como ocorre para outros ecossistemas do Brasil (AMARAL et al., 2016).

A Lei brasileira de proteção de ambientes costeiros é clara em relação à obrigatoriedade de preservação das dunas fixas (ou restingas), porém não trata das outras feições dunares. O novo Código Florestal Brasileiro (Lei Federal nº 12.651/2012) inclui apenas as restingas fixadoras de dunas ou estabilizadoras de manguezais como Áreas de Proteção Permanente (APPs) (BRASIL, 2012). Dessa maneira, os Estados têm criado leis mais específicas para proteção das suas riquezas, uma vez que podem legislar em regime de complementaridade em relação às leis federais (Lei Federal nº 6.938/1981, responsável pela Política Nacional do Meio Ambiente e Resolução do CONAMA nº 237/1997) (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013).

A Lei nº 6.950, de 20 de agosto de 1996, que dispõe sobre o Plano Estadual de Gerenciamento Costeiro do Rio Grande do Norte designa como áreas de preservação os ecossistemas considerados frágeis e que fazem parte da Reserva da Biosfera da Mata Atlântica, como as dunas (com ou sem cobertura vegetal), as restingas, os manguezais, as matas ciliares, os brejos e as áreas úmidas. Embora essa Lei também inclua as dunas móveis como APPs, ainda deixa aberta a possibilidade de ocorrerem intervenções nesses locais (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013).

Na Paraíba são consideradas APPs os mangues, os estuários, as dunas, as restingas, os recifes, os cordões litorâneos, as falésias e as praias (PINHEIRO; MOURA-FÉ; FREITAS, 2013). Em Pernambuco, a Lei que dispõe sobre a Política Florestal do Estado (Lei 11.206, de 31 de março de 1995) designa como APPs a vegetação e as áreas destinadas à fixação de dunas, proteção de locais com excêntrica beleza, de valor ecológico, científico, histórico e cultural, importantes paisagens, locais de conservação da biodiversidade, porém ainda permite intervenção em APPs. O governo de Sergipe (Lei Estadual nº 5.858, de março de 2006) só institui como APPs as dunas fixas.

A Constituição do Estado do Rio de Janeiro inclui como APPs: as praias, as vegetações de restinga quando fixadoras de dunas, as dunas, os costões rochosos e as áreas que abrigam exemplares ameaçados de extinção, raros, vulneráveis ou pouco conhecidos da fauna e da flora e os locais que servem como local de pouso, alimentação ou reprodução (Decreto nº 20.149, 02/07/2001). Em Santa Catarina, o Tribunal de Justiça decidiu que todas as áreas de restingas são APPs e não somente as restingas fixadoras de dunas, como era de interesse de muitas empresas, sobretudo, em Florianópolis.

1.1.2 Comunidades vegetais costeiras

Em áreas litorâneas, de modo geral, há baixa diversidade de espécies devido à atuação de forças abióticas que limitam e estruturam a diversidade biológica (GALLEGO-FERNÁNDEZ; MARTÍNEZ, 2011; GUARA-REQUENA, 1989; MAUN, 2009). A baixa fertilidade do substrato, temperaturas extremas, movimento da areia, spray salino, erosão e fortes ventos são os principais limitantes do estabelecimento e manutenção das espécies, selecionando táxons adaptados e contribuindo para a formação de gradientes vegetacionais nesses ambientes costeiros (CICCARELLI; BACARO; CHIARUCCI, 2012; D'CUNHA; SRIDHAR, 2011; DEL VECCHIO et al., 2015; DOING, 1985; FENU et al., 2013;

FREDERIKSEN et al., 2006; MAUN, 2009; MCLACHLAN, 1991; PSUTY, 2004; TABAJARA et al., 2013; WILSON; SYKES, 1999).

Além dos fatores abióticos citados, comunidades vegetais costeiras também vivem sob intenso impacto relacionado ao turismo que as submete a pisoteio e à poluição dos habitats (D'CUNHA; SRIDHAR, 2011; DEL VECCHIO et al., 2015; TABAJARA et al., 2013). A industrialização e mineração são outros fortes fatores que influenciam negativamente essas comunidades (D'CUNHA; SRIDHAR, 2011). Além disso, a competição com espécies introduzidas, as quais são mais agressivas e competem por habitat e nutrientes, afetam a manutenção das comunidades vegetais nativas, sobretudo em áreas insulares (MELLO; DE OLIVEIRA, 2016).

Considerando os estágios sucessionais em áreas de dunas e restingas, as primeiras comunidades vegetais que se estabelecem próximo a linha de maré são, em geral, espécies estoloníferas e com raízes adventícias, características que ajudam na fixação de substratos essencialmente arenosos (TABAJARA et al., 2013). Essa zona (restinga herbácea) é caracterizada pela baixa riqueza de espécies, presença de vegetação esparsa com ocorrência de várias gramíneas e herbáceas que toleram a atuação do spray salino (FALKENBERG, 1999; WILLIAMS, 2007) que é a principal fonte nutricional nesses locais (MAUN, 2009; WILLIAMS, 2007).

As principais espécies vegetais que ocorrem em áreas de restinga herbácea são: *Ammophila arenaria* (L.) Link, *Blutaparon portulacoides* (A. St.-Hil.) Mears, *Cakile* spp., *Calystegia soldanella* (L.) R.Br., *Canavalia rosea* (Sw.) DC., *Euphorbia paralias* L., *Echinophora spinosa* L., *Elymus farctus* (Viv.) Runemark ex Melderis, *E. mollis* (Trin.) Pilg., *Eryngium maritimum* L., *Hydrocotyle bonariensis* Lam., *Ipomoea pes-caprae* (L.) R.Br. e outras espécies de *Ipomoea*., *Ixeris repens* (L.) A. Gray, *Medicago marina* L., *Otanthus maritimus* Hoffmanns. & Link, *Pancratium maritimum* L., *Panicum* spp., *Paspalum vaginatum* Sw., *Senecio crassiflorus* (Poir.) DC., *Sesuvium portulacastrum* (L.) L., *Spartina* spp., *Sporobolus virginicus* (L.) Kunth, *Stenotaphrum secundatum* (Walter) Kuntze e *Uniola paniculata* L. (CICCARELLI; BACARO; CHIARUCCI, 2012; CORDAZZO, 2009; DE ALMEIDA JR.; ZICKEL, 2009; KAWAHARA; EZAWA, 2013; WILLIAMS, 2007).

À medida que ocorre o distanciamento do mar, a quantidade de matéria orgânica e o lixiviamento do carbonato de cálcio aumentam contribuindo para que a areia fique menos alcalina e menos fina, com consequente aumento da riqueza e diversidade biológica (GUARAREQUENA, 1989; MCLACHLAN, 1991). Na zona intermediária (faixa arbustiva), geralmente ocorrem agrupamentos contínuos de vegetação ou presença de agrupamentos isolados de

espécies arbustivas que podem alcançar até 5 m de altura (FALKENBERG, 1999). Nesses locais existem dunas mais antigas, mais estáveis, com maior conteúdo de matéria orgânica em relação à área praiana (WILLIAMS, 2007). Ocorrem palmeiras (butiazeiros), gramíneas menos tolerantes ao sal, bromélias como *Tillandsia* spp. e *Vriesea* spp., trepadeiras como *Oxypetalum* spp., *Mikania* spp., entre outras espécies (FALKENBERG, 1999).

E por fim, a faixa mais distante da praia, denominada florestal ou restinga arbórea, é caracterizada por apresentar espécies com baixa tolerância à salinidade, entre os estratos é o que apresenta maior riqueza e diversidade vegetal (FALKENBERG, 1999; WILLIAMS, 2007). Nesses locais, as árvores apresentam altura entre 5 e 15 m, podendo alcançar até 20 m, com grande diversidade de epífitas e trepadeiras (FALKENBERG, 1999). Entre algumas espécies que ocorrem na zona arbórea, podem ser citadas: *Byrsonima gardneriana* Juss., *Duguetia gardneriana* Mart., *Eugenia* spp., *Ilex* spp.; *Guapira pernambucensis* (Casar) Lundell, *Myrcia* spp., *Ocotea gardneri* (Meissn.) Mez., *Tabebuia* spp., *Tapirira guianensis* Aubl., *Xylopia nitida* Dun. (FALKENBERG, 1999).

De modo geral, entre as de maior alcance de distribuição em zonas costeiras, destacam-se as que tem capacidade de se dispersar por sementes (MIRYEGANEH et al., 2014; VATANPARAST et al., 2011) como *Canavalia rosea* (Sw.) DC., *Hibiscus pernambucensis* Arruda, *H. tiliaceus* L., *Ipomoea pes-caprae*, *Vigna luteola* (Jacq.) Benth. e *Vigna marina* (Burm.f.) Merr. Dessas espécies citadas, *I. pes-caprae* é a que tem o maior alcance de distribuição em áreas costeiras tropicais e subtropicais e, além de se dispersar por sementes, também é propagada vegetativamente (DEVALL; THIEN, 1989; GOMES NETO; CUNHA; VOIGT, 2006; MIRYEGANEH et al., 2014).

1.1.3 *Ipomoea pes-caprae*

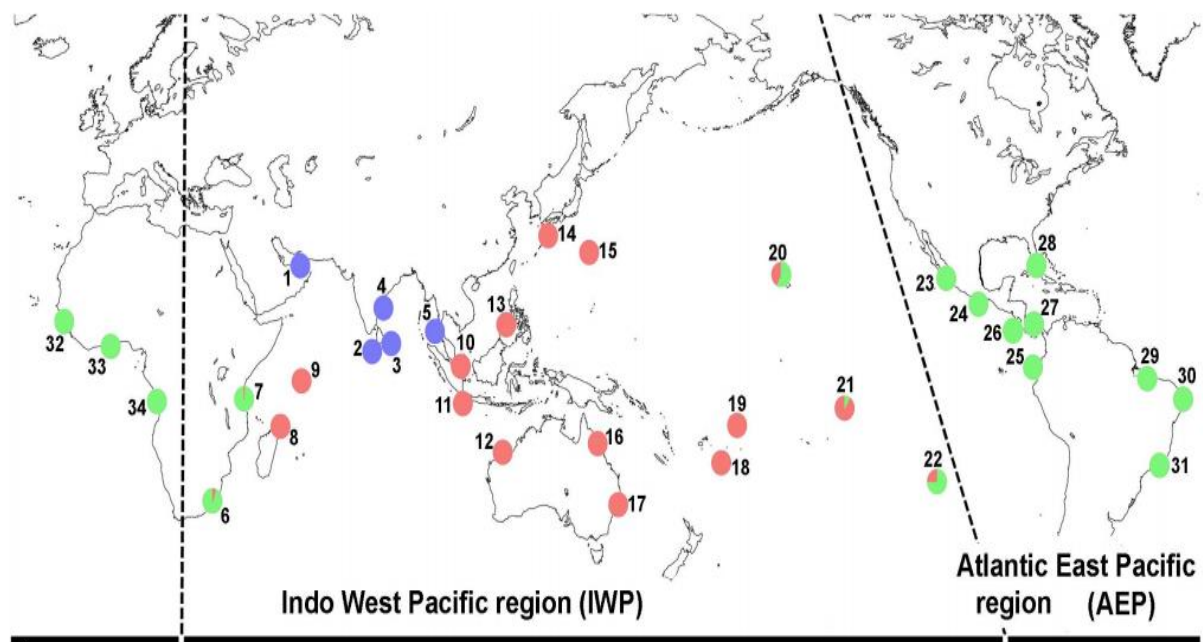
A família Convolvulaceae é representada por 60 gêneros e cerca de 1.650 espécies que apresentam diferentes hábitos, desde herbáceos, arbustivos ou arbóreos (RAJU; RAJU; RAMANA, 2014). Entre as espécies dessa família, *Ipomoea pes-caprae* é amplamente distribuída (Figura 1), podendo ocorrer acima da linha da maré alta de áreas praianas de regiões tropicais e subtropicais do mundo, sendo de grande relevância para a manutenção de dunas incipientes (DEVALL; THIEN, 1989; MIRYEGANEH et al., 2014; WILLIAMS, 2007).

Ipomoea pes-caprae é altamente adaptada a ambientes costeiros e aos estresses relacionados à instabilidade do substrato, erosão e frequentes inundações com água do mar (CASTELLANI; SANTOS, 2005; CORKIDI; RINCÓN, 1997a). As raízes principais e

secundárias desta espécie apresentam maior potencial de penetração na areia em relação a outros táxons o que contribui para alta capacidade de fixação de sedimentos, sendo ecologicamente relevante para recuperação de áreas de dunas impactadas (DEVALL; THIEN, 1989; MIRYEGANEH et al., 2014; WILLIAMS, 2007). Do ponto de vista medicinal, essa espécie tem sido usada para o tratamento de artrite, úlceras e feridas graças às propriedades anti-inflamatórias das folhas e caules (VENKATARAMAN et al., 2013).

Popularmente conhecida no mundo como “beach morning glory” e no Brasil como “salsa da praia”, *I. pes-caprae* tem duas subespécies (*I. pes-caprae* subsp. *pes-caprae* (L.) R. Brown e *I. pes-caprae* subsp. *brasiliensis* (L.) van Ooststr que diferem na morfologia das plantas (formato das folhas e dimensões do cálice e corola) e na distribuição geográfica (MIRYEGANEH et al., 2014). A subespécie *pes-caprae* ocorre no norte do Oceano Índico (da Península Arábica até a Indonésia) e a subespécie *brasiliensis* é encontrada em regiões tropicais e subtropicais, apresentando alta taxa de migração (MIRYEGANEH et al., 2014).

Figura 1 – Distribuição geográfica de populações de *Ipomoea pes-caprae*



Em roxo representa populações da subespécie *pes-caprae*, em laranja subespécies que ocorrem na região do Pacífico Oeste e em verde que ocorrem na região do Pacífico Leste Atlântico. Fonte: Miryeganeh et al., 2014.

Ipomoea pes-caprae é herbácea, rastejante, perene e polinizada, sobretudo, por abelhas do gênero *Xylocopa*, mas também pode ser polinizada por uma variedade de insetos

(MIRYEGANEH et al., 2014). Apresenta sementes que podem flutuar por mais de 90 dias na água do mar e assim garantir a dispersão e migração da espécie (MIRYEGANEH et al., 2014). As folhas são lisas, espessas e têm dois lóbulos, as flores são cor-de-rosa, se abrem no início da manhã e fecham antes do meio dia e as ramas geralmente são densas a ponto de formar tapetes em áreas de dunas (Figura 2). Pode ocorrer nas zonas costeiras associada a outras espécies vegetais como *Alysicarpus rugosus* (Willd.) DC., *Canavalia catartica* *Canavalia cathartica* Thouars, *C. rosea*, *Crotalaria retusa* L., *C. verrucosa* L. e *Cyperus pedunculatus* (R.Br.) J.Kern (BEENA et al., 2000).

Figura 2 – Ramas (a) e flor (b) de *Ipomoea pes-caprae* subespécie *brasiliensis* na praia do Boldró, APA de Fernando de Noronha.

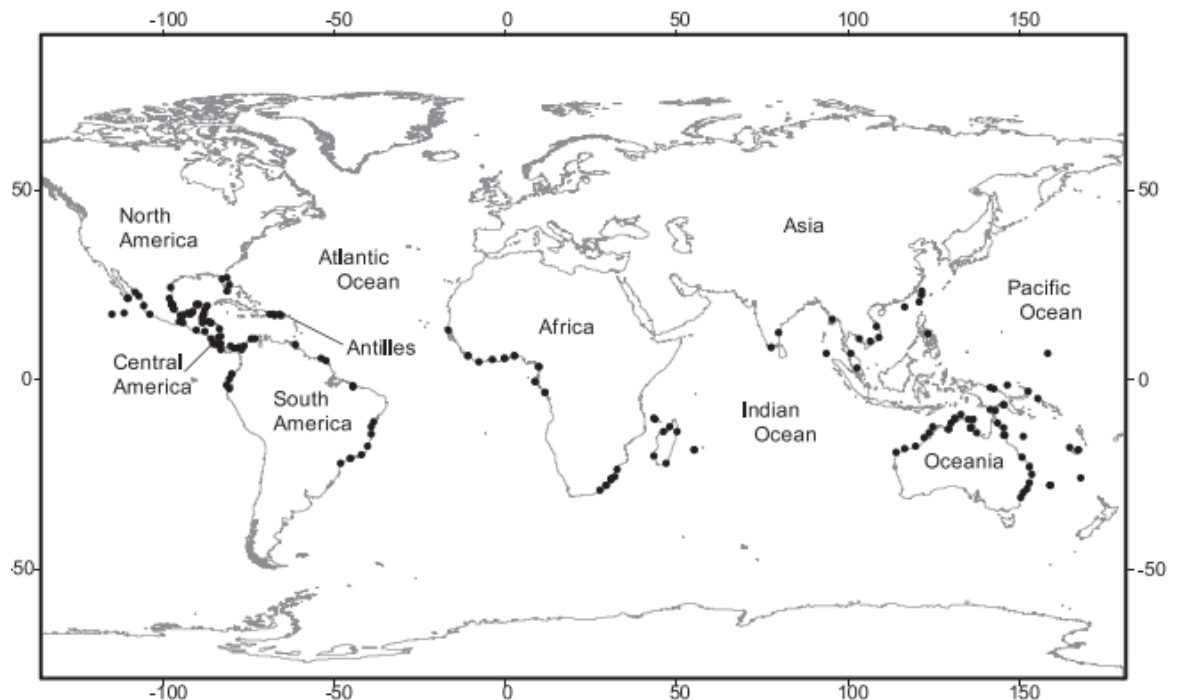


Fonte: A Autora, 2017.

1.1.4 *Canavalia rosea*

O nome *Canavalia* vem de “Kanavali” e significa “que escala floresta”, “erva que escala” (MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014). Esse gênero pertence a família Fabaceae, apresenta cerca de 60 espécies (MATOS et al., 2004), porém apenas uma com distribuição pantropical (*Canavalia rosea*) (Figura 3).

Figura 3 – Distribuição pantropical de *Canavalia rosea*



Fonte: Mendoza-González; Martínez; Lithgow, 2014.

Canavalia rosea geralmente se distribui junto com *I. pes-caprae* em praias e dunas costeiras, além de ser encontrada nos ambientes pós-praia, em cima de pedras ou de arbustos, próxima a lagoas costeiras ou estradas, sendo as correntes marítimas importantes para dispersão dos indivíduos (MATOS et al., 2004; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014; VATANPARAST et al., 2011). O epíteto específico *rosea*, vem de “roseus” e faz referência à cor rosa das flores (MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014). Popularmente conhecida como “bay bean”, “seaside jackbean”, “coastal jackbean” e “beach bean” e no Brasil como “feijão de praia”, *C. rosea* foi primeiramente registrada na Europa, sendo citada como fonte de alimento para o capitão James Cook durante a expedição à Austrália em 1768 (MATOS et al., 2004; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014; VATANPARAST et al., 2011).

Canavalia rosea é pioneira e com suas ramas forma um tapete denso em áreas de dunas (MATOS et al., 2004; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014; VATANPARAST et al., 2011). Caracteriza-se por apresentar hábito herbáceo e baixa taxa de produção de sementes por indivíduo, o que é compensado por repetidos períodos de floração ao longo do ano, garantindo a manutenção de um significativo banco de sementes em dunas costeiras (D’CUNHA; SRIDHAR, 2011; MATOS et al., 2004; MENDOZA-GONZÁLEZ;

MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014). As sementes apresentam baixa taxa de germinação, mas, *C. rosea* também pode ser propagada vegetativamente.

Plantas de *C. rosea* têm folhas compostas por três folíolos e ramas espessas que podem se estender por mais de 10 m de comprimento (MATOS et al., 2004; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014). Além de participar da estabilização de áreas de dunas, as ramas podem escalar outros tipos de vegetação nas áreas mais interioranas de dunas (MATOS et al., 2004; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014). As flores variam de cor rosa a roxo e são produzidas durante o ano todo, sobretudo no verão; na germinação são produzidos grandes e espessos cotilédones que podem durar várias semanas até que as primeiras folhas sejam formadas (Figura 4) (MARTÍNEZ; MORENO-CASASOLA, 1996; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014).

Figura 4 – Distribuição de indivíduos (a) e flor (b) de *Canavalia rosea* em uma área de restinga, em Mataraca – PB



Fonte: A Autora, 2017.

1.1.5 Espécies de Poaceae em ambientes costeiros

A família Poaceae (ou Gramineae) é a quarta maior família de plantas com flores, apresentando aproximadamente 11.000 espécies distribuídas em 800 gêneros (PETERSON; SORENG, 2007). Os táxons dessa família possuem especializações para colonizarem ambientes abertos como, por exemplo, redução da estrutura das folhas. Além disso, a polinização auxiliada pelo vento contribui para que a família Poaceae seja bem distribuída no planeta (PETERSON; SORENG, 2007). Pertencem à família várias espécies comumente encontradas em ambientes costeiros, tais como: *Ammophila arenaria* (L.) Link, *Distichlis*

spicata (L.) Greene, *Panicum racemosum* (P. Beauv.) Spreng, *Paspalum vaginatum* Sw., *Schizachyrium* spp., *Spartina* spp., *Sporobolus virginicus*, *Uniola paniculata* (CICCARELLI; BACARO; CHIARUCCI, 2012; KAWAHARA; EZAWA, 2013; WILLIAMS, 2007).

Panicum racemosum é uma planta rizomatosa perene que ocorre em dunas móveis costeiras e mais interioranas, distribuindo-se no sudoeste Atlântico (COSTA; SEELIGER; CORDAZZO, 1991). Essa gramínea é dominante em dunas móveis, semifixas e fixas, sendo na maioria das vezes a única espécie presente nesses locais (COSTA; SEELIGER; CORDAZZO, 1991). As sementes apresentam baixa taxa de viabilidade e frequentemente são predadas por besouros; portanto, a principal forma de propagação dessa espécie é vegetativa (CORDAZZO; DAVY, 1994; COSTA; SEELIGER; CORDAZZO, 1991). O vento contribui para a polinização desta e das outras espécies da família, e ocorre baixa produção de sementes relacionada à dificuldade de polinização cruzada (CORDAZZO; DAVY, 1994). Assim, dominam populações com reprodução clonal e, portanto, com baixa variabilidade genética (CORDAZZO; DAVY, 1994).

Outra gramínea comum em ambientes costeiros, considerada importante estabilizadora de áreas de dunas, é *Paspalum vaginatum* que, segundo WILLIAMS (2007), se distribui em ambientes tropicais e subtropicais do mundo. Essa espécie é altamente tolerante a ambientes salinos e apresenta um sistema de rizomas que forma um denso tapete em áreas litorâneas, dominando em áreas de dunas; por não produzir sementes viáveis, a propagação da espécie é vegetativa.

1.1.6 Biodiversidade em ambientes insulares e continentais

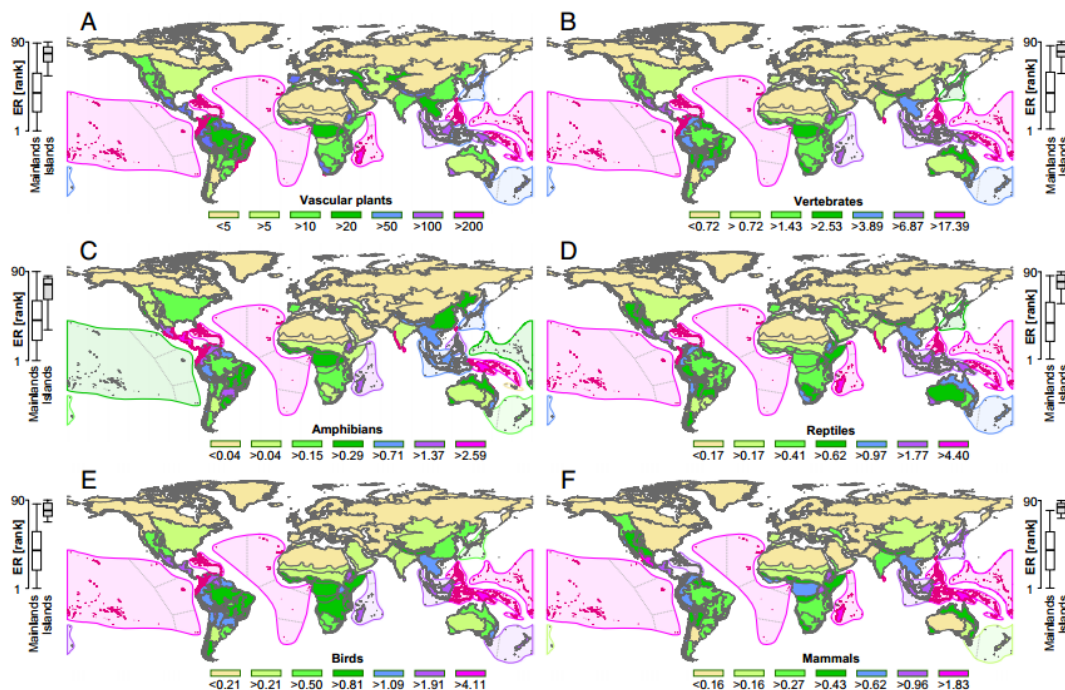
Ilhas são porções de terra espacialmente isoladas de áreas continentais ou de outras ilhas por algum tipo de barreira como barreiras aquáticas (CHEN et al., 2008), sendo classificadas como continentais ou oceânicas. As ilhas continentais (ou terrestres) são subdivididas em marinhas, fluviais e lacustres e por serem separadas do continente podem apresentar biota diferenciada, que é protegida de impactos relacionados à predação, competição e doenças (WALTER, 2004). As ilhas oceânicas são de origem vulcânica ou plutônica, formadas a partir da elevação do leito oceânico profundo, sem conexão com a plataforma continental (CORDANI, 1970; MORAES, 2011).

Ilhas oceânicas brasileiras surgiram a partir de atividade magmática, como ocorreu com os Arquipélagos de Fernando de Noronha, Martin Vaz e a Ilha de Trindade, ou pela elevação do material do manto superior, como ocorreu com o Arquipélago de São Pedro e São Paulo

(CORDANI, 1970; MORAES, 2011). Ilhas continentais são, em geral, localizadas próximas à costa e constituem afloramentos de partes mais proeminentes do embasamento rochoso relacionado ao continente, como, por exemplo, a Ilha Grande no Estado do Rio de Janeiro e a Ilha de Florianópolis no Estado de Santa Catarina (HORN, 2006; INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE, 2013).

Embora ilhas oceânicas, em geral, apresentem moderada riqueza de espécies e elevada percentagem de endemismo, a conservação da biota presente nesses ambientes é de extrema importância (Figura 5) (KIER et al., 2009; MACARTHUR; WILSON, 1967). Apesar disso, esses locais vêm sendo bastante impactados ao longo da história; inicialmente, a principal ameaça era relacionada à perda de habitats e, atualmente, o impacto antrópico tem afetado significativamente a manutenção da biodiversidade insular (KIER et al., 2009). As ilhas devem ter a diversidade biológica conservada, pois as populações presentes nesses ambientes são mais susceptíveis a riscos de extinção do que populações continentais, devido à endogamia e, conseqüentemente, à perda da diversidade genética que é relevante para a resposta evolucionária das populações às mudanças ambientais (CHEN et al., 2008; FRANKHAM, 1997).

Figura 5 – Mapa mostrando a riqueza de endemismo de plantas vasculares (a), vertebrados terrestres (b), anfíbios (c), répteis (d), pássaros (e) e mamíferos (f)



Fonte: Kier et al., 2009.

As principais diferenças entre os ambientes insulares e os continentais são relacionadas ao tamanho e ao isolamento geográfico das ilhas, que contribuem para que seja possível estudar a dispersão e mecanismos relacionados à formação de espécies e radiação adaptativa (LOSOS; RICKLEFS, 2009; MORAES, 2011; VASCONCELOS et al., 2013). O tamanho da área e o isolamento geográfico foram fatores relevantes para a Teoria de Equilíbrio de Biogeografia de Ilhas proposta por MacArthur; Wilson (1967) que postula que as relações entre as espécies e a área de arquipélagos insulares são relacionadas às taxas de imigração e extinção de espécies e, embora, a área e o isolamento tenham papel relevante para a determinação da riqueza de táxons, é a interação entre as taxas de imigração e extinção que contribui para o equilíbrio das espécies em ambientes insulares.

O aumento da área de estudo contribui para registros de maior riqueza de espécies porque amplia a diversidade de nichos, o que favorece o aumento das populações (TRIANSTIS; GUILHAUMON; WHITTAKER, 2012; WILLIAMS, 1964). De acordo com a hipótese que o aumento da área de coleta contribui para a incorporação de novos locais e, por consequência, registro das espécies desses novos habitats (WILLIAMS, 1964). Enquanto, outros autores trataram da importância das taxas de imigração e extinção, ao invés de destacar a importância da diversificação de habitats, para aumento da riqueza de espécies (MACARTHUR; WILSON, 1967; PRESTON, 1960).

A relação entre o aumento da área e o aumento da riqueza é uma das poucas leis bem reconhecidas no campo da ecologia (MACARTHUR; WILSON, 1967). O isolamento geográfico é um fator importante que influencia a diversidade das comunidades biológicas contribuindo para a diminuição da riqueza de espécies porque são poucos os que conseguem colonizar esses ambientes isolados (MACARTHUR; WILSON, 1967). Embora a Teoria de Equilíbrio de Biogeografia de Ilhas tenha sido desenvolvida para ilhas oceânicas Indo-Australianas, vem sendo aplicada em estudos realizados em diversos ambientes insulares, incluindo os continentais (WALTER, 2004).

De acordo com MacArthur; Wilson (1967), a relação entre imigração, extinção e especiação e como variam no espaço e no tempo são essenciais para o entendimento de como ocorre a relação entre espécies, áreas e ilhas. Essa teoria discute a existência de uma correlação positiva entre o limite geográfico das ilhas e a riqueza de espécies e uma correlação negativa entre o isolamento geográfico e a riqueza de táxons. As taxas de imigração dependem da distância da área de ocorrência inicial das espécies e independem do tamanho da ilha, enquanto as taxas de extinção são dependentes do tamanho da área. Esses fatores são os influenciadores

da colonização insular e da velocidade de extinção nesses locais de acordo com os autores mencionados.

O tamanho da área é importante para suprir as exigências biológicas de algumas espécies, como exemplificam Whitehead; Jones (1969): espécies que se distribuem em zonas litorâneas, são em geral tolerantes a ambientes salinos, portanto, quando são dispersas para ambientes insulares pequenos não sofrerão grandes consequências, enquanto espécies não adaptadas ao spray salino, por exemplo, serão afetadas, principalmente, se forem dispersas para ilhotas onde ocorre forte influência do mar.

Para macro-organismos, diferentes estudos já investigaram a influência do isolamento e do limite de dispersão, porém poucas pesquisas consideram a influência desses fatores na estruturação de comunidades de micro-organismos, embora esses organismos apresentem grande distribuição no mundo e sejam ecologicamente relevantes para o funcionamento dos ecossistemas (FITTER, 2005; TELFORD; VANDVIK; BIRKS, 2006). Ainda há lacunas no entendimento de como o tamanho do habitat, isolamento e dispersão influenciam a estrutura da comunidade microbiana (GREEN; BOHANNAN, 2006). Desse modo, a teoria proposta por Baas-Becking (1934) que trata que “tudo esta em toda parte, mas o ambiente seleciona” (“everything is everywhere, but the environment selects”) ainda é uma das mais aceitas para explicar os padrões de distribuição dos micro-organismos (FENCHEL; FINLAY, 2004).

Horner-Devine et al. (2004) observaram que comunidades bacterianas localizadas próximas eram mais similares em composição do que as comunidades localizadas mais distantes e que há uma relação de táxons por área que é estruturada, principalmente, pela heterogeneidade ambiental. Peay et al. (2007) identificaram o tamanho do habitat e o isolamento geográfico como importantes fatores que influenciam a riqueza e a estrutura das comunidades de fungos ectomicorrízicos porque a competição e a dispersão, possivelmente, desempenham papel relevante na estrutura desses fungos. Porém, é sugerido que o limite de dispersão não impede que alguns fungos ectomicorrízicos colonizem ambientes insulares isolados (HAYWARD; HYNSON, 2014).

Mangan et al. (2004) avaliaram a influência da escala espacial e do tamanho da floresta sobre as comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e registraram que comunidades em parcelas continentais eram mais similares entre si do que as comunidades em parcelas insulares geograficamente próximas. Os autores também observaram que as comunidades presentes em parcelas insulares eram mais semelhantes entre si independentemente da separação geográfica das ilhas.

1.1.7 Micorrizas e fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

Micorriza é uma associação simbiótica mutualística formada por fungos de diferentes grupos (Glomeromycota, Ascomycota e Basidiomycota) e raízes de diferentes espécies vegetais (SMITH; READ, 2008). Com base na estrutura e funcionamento, os tipos de micorrizas podem ser classificados em: arbuscular, ericóide, arbutóide, monotropóide, orquidóide, ectomicorriza e ectendomicorriza (DAS; VARMA, 2009). Entre os tipos de micorrizas, a arbuscular é a predominante na natureza com 74% de Angiospermas se associando com fungos micorrízicos arbusculares (FMA), enquanto 9% formam micorriza orquidóide, 2% se associam com fungos ectomicorrízicos, 1% forma micorriza ericóide e 6% não se associam a nenhum fungo micorrízico (BRUNDRETT, 2009).

A importância da micorriza arbuscular também pode ser evidenciada pela co-evolução das plantas e dos FMA, pois estudos baseados em fósseis de hifas e esporos sugerem que fungos relacionados aos atuais FMA podem ter contribuído para que as plantas vasculares colonizassem o ambiente terrestre (REDECKER; KODNER; GRAHAM, 2000). Por outro lado, recentes observações sugerem que fungos relacionados ao gênero *Endogone* (pertencente a Mucoromycotina) desempenharam papel mais importante do que os fungos relacionados aos atuais Glomeromycota no estabelecimento da colonização terrestre vegetal (BIDARTONDO et al., 2011).

Outros estudos têm enfatizado a importância de fungos relacionados aos atuais Mucoromycotina, para que as primeiras plantas terrestres pudessem colonizar o ambiente terrestre, com a descoberta de fósseis de 400 milhões de anos (STRULLU-DERRIEN et al., 2014) e a observação que há simbiose mutualística entre uma briófita e um membro de Mucoromycotina (FIELD et al., 2015). Porém, maiores informações sobre a associação de representantes de Mucoromycotina e Angiospermas são necessárias para melhor entendimento sobre a co-evolução de plantas e fungos (VAN DER HEIJDEN et al., 2015).

Os FMA são micro-organismos chave na interface solo e planta (RILLIG; ALLEN, 1999), desempenhando papel relevante para o equilíbrio dos ecossistemas terrestres. Esses fungos transferem nutrientes do solo para os hospedeiros, contribuindo para a nutrição vegetal, sobretudo de nutrientes essenciais como o P e o N, graças à rede de hifas que pode atuar mais eficientemente na exploração do solo do que as raízes vegetais (VAN DER HEIJDEN; WIEMKEN; SANDERS, 2003). As hifas também promovem a transferência do carbono, que foi recebido das plantas, para o solo, e estimulam a atividade da biota edáfica, contribuindo

para a permanência de muitas interações bióticas e abióticas ao redor das raízes (JEFFRIES et al., 2003).

Considerando que a simbiose formada entre esses fungos e plantas é regra na natureza e que os FMA influenciam a estrutura e funcionamento de comunidades vegetais e o equilíbrio ecossistêmico (VAN DER HEIJDEN et al., 2015), impactos ambientais que afetam essa relação provocam danos ecológicos à produtividade vegetal e também podem afetar negativamente o funcionamento dos ecossistemas (VAN DER HEIJDEN; WIEMKEN; SANDERS, 2003; SMITH; READ, 2008). A perda de propágulos infectivos de FMA nos solos, por exemplo, pode diminuir os benefícios que esses fungos oferecem aos seus hospedeiros (JEFFRIES et al., 2003). Além disso, também pode influenciar a fertilidade edáfica porque esses fungos colonizam o solo graças à formação de uma rede extrarradicular que promove diversos benefícios ao ecossistema (JEFFRIES et al., 2003).

Os FMA são caracterizados por serem simbiontes obrigatórios de plantas fato que impede o cultivo desses fungos e na ausência da planta hospedeira dificultando a obtenção de informações mais completas sobre a genética, biologia e ecologia desses micro-organismos (SMITH; READ, 2008). Esses fungos pertencem ao filo Glomeromycota, composto por três classes, cinco ordens, 15 famílias, 38 gêneros e cerca de 300 espécies descritas (BLASZKOWSKI et al., 2014; BŁASZKOWSKI; CHWAT, 2013; GOTO et al., 2012b; GOTO; JOBIM, 2014; MARINHO et al., 2014; OEHL et al., 2011; SIEVERDING et al., 2014) (Tabela 1).

Tabela 1 – Classificação atual do Filo Glomeromycota

Classes (3)	Ordens (5)	Famílias (15)	Gêneros (38)
Archaeosporomycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora</i>
		Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i> <i>Intraspora</i> <i>Palaeospora</i>
		Geosiphonaceae*	<i>Geosiphon</i> *
Paraglomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus</i>
Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora</i> <i>Kuklospora</i>
		Pacisporaceae	<i>Pacispora</i>
		Sacculosporaceae	<i>Sacculospora</i>

Continuação Tabela 1

Classes (3)	Ordens (5)	Famílias (15)	Gêneros (38)
		Diversisporaceae	<i>Corymbioglomus</i> <i>Diversispora</i> <i>Otospora</i> <i>Redeckera</i> <i>Tricispora</i>
	Glomerales	Glomeraceae	<i>Dominikia</i> <i>Funneliformis</i> <i>Glomus</i> <i>Kamienskia</i> <i>Rhizoglomus</i> <i>Septoglomus</i> <i>Sclerocystis</i> <i>Simiglomus</i>
		Entrophosporaceae	<i>Albahypha</i> <i>Claroideoglomus</i> <i>Entrophospora</i> <i>Viscospora</i>
	Gigasporales	Racocetraceae	<i>Cetraspora</i> <i>Racocetra</i>
		Dentiscutataceae	<i>Dentiscutata</i> <i>Fuscutata</i> <i>Quatunica</i>
		Intraornatosporaceae	<i>Intraornatospora</i> <i>Paradentiscutata</i>
		Gigasporaceae	<i>Gigaspora</i>
		Scutellosporaceae	<i>Bulbospora</i> <i>Orbispora</i> <i>Scutellospora</i>

*não estabelece associação micorrízica com espécies vegetais. Fontes: Błaszowski; Chwat, 2013; Błaszowski et al., 2014; Goto et al., 2012b; Goto; Jobim, 2014; Marinho et al., 2014; Oehl et al., 2011; Sieverding et al., 2014.

Arbúsculos, vesículas, hifas, esporos e células auxiliares são as estruturas que caracterizam a associação micorrízica do tipo arbuscular. Os arbúsculos são sítios de troca entre os FMA e o hospedeiro formados no interior das raízes (SMITH; READ, 2008). As vesículas também estruturas intrarradiculares, são ricas em lipídeos, com funções de armazenamento e também de propagação (BIERMANN; LINDERMAN, 1983; STRULLU et al., 1983). As hifas têm função propagativa e de disponibilização de nutrientes e são produzidas intra e extrarradicularmente (SMITH; READ, 2008). Células auxiliares têm a função de armazenamento e, possivelmente, contribuem para a formação e desenvolvimento de esporos e produção e recuperação de hifas extrarradiculares (DE SOUZA; DECLERCK, 2003). Esporos, denominados glomerosporos (GOTO; MAIA, 2006), constituem as principais estruturas de propagação e disseminação dos FMA e são produzidos intra e extrarradicularmente (BEVER et al., 2001; MERGULHÃO et al., 2014; SIEVERDING et al., 2014; SMITH; READ, 2008).

Com relação às estruturas formadas por representantes do Filo Glomeromycota durante a colonização radicular, com exceção de *Geosiphon* que forma simbiose com cianobactérias e não com plantas, todos os demais grupos produzem arbúsculos, hifas e glomerosporos. Representantes das ordens Glomerales e Diversisporales também produzem vesículas, enquanto espécies de Gigasporales não produzem vesículas, mas formam células auxiliares (OEHL et al., 2011a). Já espécies de Pacisporaceae formam vesículas e células auxiliares. Espécies pertencentes às classes Archaeosporomycetes e Paraglomeromycetes produzem estruturas caracterizadas por apresentar fraca reação ao corante azul de trypan, enquanto as estruturas formadas pelos representantes de Glomeromycetes apresentam forte reação ao corante. Na ordem Archaeosporales, espécies de Ambisporaceae também produzem vesículas, mas não há relatos que táxons da família Archaeosporaceae e da ordem Paraglomerales produzam vesículas (OEHL et al., 2011a).

1.1.8 Técnicas para estudo de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

Tradicionalmente, estudos sobre comunidades de FMA têm sido desenvolvidos com base na identificação morfológica de glomerosporos extraídos diretamente de amostras de solo de campo ou de culturas armadilha (DOUDS; MILLNER, 1999). Como essas estruturas são oriundas de uma parte do ciclo de vida dos FMA e o solo é um reservatório de glomerosporos de diferentes idades, estágios de maturação, viabilidade, representando um acumulado até o ponto de amostragem, esse banco de glomerosporos é um bom indicativo das comunidades de FMA presentes no ambiente (LANDIS; GARGAS; GIVNISH, 2004).

Contudo, a taxonomia baseada na morfologia de esporos apresenta pelo menos dois problemas que inviabilizam a identificação de todas as espécies de FMA em um local: (1) a esporulação ser um evento sazonal relacionado a uma etapa do ciclo de vida dos FMA e, assim, não ser possível identificar os táxons efetivamente associados às raízes vegetais; (2) não ser possível determinar as espécies que estão colonizando um hospedeiro vegetal ou o solo a partir de outras estruturas (como hifas, por exemplo) (HEMPEL; RENKER; BUSCOT, 2007; ÖPIK et al., 2003; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003; SANDERS, 2004). Assim, a abordagem morfológica acaba sendo dependente de métodos auxiliares ou de um esforço amostral grande (coletas em diferentes estações e anos) para determinação do perfil das comunidades de FMA em um ambiente (BEVER et al., 2001).

O emprego de culturas armadilha tem sido uma estratégia complementar para recuperar espécies que não foram detectadas diretamente das amostras de campo (MERGULHÃO et al., 2009). Porém, essa técnica também apresenta limitações relacionadas à especificidade e seletividade hospedeira, que pode favorecer o estabelecimento e esporulação de algumas espécies de FMA em detrimento de outras, a capacidade de competição e adaptação das espécies às condições de casa de vegetação e vasos de cultura, sobretudo de táxons provenientes de áreas naturais (BARTZ et al., 2008; BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2011; CARRENHO; TRUFEM; BONONI, 2001; JANSÁ et al., 2002, 2014; MERGULHÃO et al., 2009; OHSOWSKI et al., 2014; TREJO-AGUILAR et al., 2013).

Nesse cenário, a aplicação de técnicas de ecologia microbiana molecular em estudos de comunidades de FMA tem possibilitado avanços consideráveis no entendimento da relação desses fungos com as plantas. Como essas abordagens são independentes de métodos de cultivos, fornecem um rápido perfil da estrutura de comunidades biológicas e possibilitam identificar táxons de FMA que apresentam diferentes estratégias de colonização (maior colonização no solo através de hifas ou esporos ou maior colonização intrarradicular), elas têm ganhado destaque nos estudos sobre Glomeromycota (HART; READER, 2002; HEMPEL; RENKER; BUSCOT, 2007; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003; VARELA-CERVERO et al., 2015).

A partir de técnicas moleculares também é possível obter informações sobre a ecologia de populações simpátricas (DE SOUZA et al., 2004) e compreender melhor a biologia e evolução de espécies de FMA (ROSENDAHL, 2008), pois populações de Glomeromycota são altamente variáveis, tanto do ponto de vista fenotípico (EHINGER et al., 2012) quanto genético (EHINGER et al., 2012; KOCH et al., 2004; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003).

Dentre os métodos de caracterização de comunidades baseados em DNA utilizados para avaliação de múltiplas amostras ambientais, a eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE), as técnicas de polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP, T-RFLP), clonagem e sequenciamento foram bastante utilizados em estudos de FMA (DE SOUZA et al., 2004; WETZEL et al., 2014). Atualmente, o sequenciamento de nova geração (NGS – *Next Generation Sequencing*) tem ganhado destaque devido ao alto rendimento, por fornecer uma rápida caracterização dessas comunidades, incluindo a detecção de táxons raros e pouco abundantes, possibilitando acessar a diversidade e composição de comunidades alvo (BÁLINT et al., 2016; HART et al., 2015; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017; XU et al., 2016), bem como entender a função de comunidades biológicas no ambiente (VAN ELSAS et al., 2008).

Kowalchuk; De Souza; Van Veen (2002) utilizaram PCR-DGGE para determinar os FMA a partir de esporos, amostras de solo e raízes de *A. arenaria* em dunas na Holanda. Öpik et al. (2003) também utilizaram PCR-DGGE para caracterização de comunidades de FMA e observaram que esta técnica subestimou a diversidade de FMA esperada para área. Helgason et al. (1998) empregaram PCR-RFLP, clonagem e sequenciamento para caracterizar a diversidade de FMA associada às raízes de hospedeiros vegetais. Vandenkoornhuyse et al. (2003) determinaram a diversidade de FMA associada a raízes de gramíneas com base em T-RFLP e observaram diversidade similar quando comparado com estudos prévios que utilizaram bibliotecas de clones. Wetzel et al. (2014) a partir de T-RFLP e identificação morfológica caracterizaram a diversidade e estrutura de comunidades de FMA em áreas agrícolas e registraram melhor diferenciação dos táxons e detecção de mudanças na composição das comunidades de FMA com base em taxonomia morfológica.

Com base em sequenciamento 454, Öpik et al. (2009) determinaram a diversidade de FMA em um local com floresta de coníferas, que foi bem estudado com base em técnicas convencionais de clonagem e sequenciamento, para observar se os novos dados apresentavam padrões similares aos registrados previamente com a abordagem convencional. Os resultados mostraram que a estrutura da comunidade de FMA foi similar usando as duas abordagens.

Após o trabalho de Öpik et al. (2009), pesquisas vêm utilizando o NGS para determinar comunidades de FMA, novas plataformas e técnicas de bioinformática vêm sendo propostos contribuindo para produção de dados de forma rápida e confiável (DAVISON et al., 2012; JOHANSEN et al., 2016; SAKS et al., 2014; UNTERSEHER et al., 2011; XU et al., 2016). Atualmente, a plataforma Illumina têm sido uma das principais escolhas em estudos de

metagenômica graças a elevada cobertura de sequenciamento, produção de resultados precisos e com menores custos (CUI et al., 2016; LUO et al., 2012; XU et al., 2016, 2017).

As etapas relacionadas ao sequenciamento com a plataforma Illumina são: (1) preparo das bibliotecas que envolve a fragmentação do DNA e ligação a adaptadores; (2) identificação das bibliotecas; (3) amplificação das bibliotecas que ocorre em um suporte sólido para isso moléculas de DNA de fita simples são aderidas ao suporte que contém oligonucleotídeos complementares aos adaptadores. No primeiro ciclo de amplificação da PCR (etapa de anelamento), o adaptador que não está ligado ao suporte encontra seu oligonucleotídeo complementar formando a estrutura em ponte (*bridge*-PCR). Após a elevação da temperatura, a estrutura em ponte é quebrada e novos ciclos de amplificação são iniciados para obtenção de agrupamentos de moléculas idênticas; (4) sequenciamento por síntese caracterizado pela incorporação de nucleotídeos marcados e excitação a laser gerando um sinal que é captado e interpretado como um dos quatro nucleotídeos que formam a cadeia. Esse processo é repetido e a leitura é realizada de forma sequencial, permitindo a montagem da sequência de cada agrupamento (CARVALHO; SILVA, 2010; KNIEF, 2014).

Embora as abordagens moleculares estejam de fato revolucionando os estudos ecológicos e filogenéticos de diferentes grupos biológicos, elas também apresentam limitações. Como são baseadas na extração do DNA de amostras ambientais (solo, raízes, etc.), essas técnicas têm como uma das premissas que todas as células apresentam a mesma eficiência de extração de DNA, contudo é uma premissa pouco testada e para FMA não há estudos dessa natureza. Em um estudo sobre FMA foi observado que um único esporo de *Gigaspora margarita* poderia ser detectado em uma mistura com 100 esporos de *Scutellospora heterogama*, enquanto que em uma mistura de seis ou mais esporos de *Gigaspora margarita* para *S. heterogama* não era mais possível detectar a *Scutellospora* com base em PCR-DGGE. Isso ocorre por que a PCR é uma reação competitiva entre os genes alvo e os que estão em maior frequência terão maior probabilidade de serem amplificados e, consequentemente, detectados por técnicas como DGGE, T-RFLP e clonagem (DE SOUZA et al., 2004).

Outra questão que deve ser considerada é relacionada ao conjunto de primers utilizados, os quais deveriam amplificar com igual eficiência todos os organismos alvo, contudo não há um conjunto de primers de FMA capaz de atender essa premissa. Outros fatores como: desenho experimental empregado, amostragem e preservação da amostra, escolha da região alvo, problemas relacionados a PCR (sequências quiméricas e falha da polimerase), tipo de sequenciamento, análise das sequências obtidas, delimitação de OTUs (Unidades Taxômicas Operacionais), análises estatísticas, ecológicas e informações depositadas nos bancos de dados

são fatores que devem ser cuidadosamente considerados para que o resultado final efetivamente seja uma boa representação do que realmente ocorre na natureza (BÁLINT et al., 2016; HART et al., 2015; HOUSE et al., 2016; KOHOUT et al., 2014; QIU et al., 2001; THIÉRY et al., 2016; VAN GEEL et al., 2014).

Considerando a região alvo, a maioria dos estudos de ecologia microbiana molecular de FMA foi baseada na amplificação de fragmentos do SSU (SSU, do inglês *Small SubUnit*) do rDNA (KOHOUT et al., 2014). Simon; Lalonde; Bruns (1992) foram os primeiros a identificar FMA com base em sequências da região ribossomal e após esse trabalho diferentes conjuntos de primers vêm sendo propostos para amplificação de diferentes fragmentos do rDNA (KOHOUT et al., 2014; VAN GEEL et al., 2014). Os genes ribossomais são disponíveis em alto número de cópias, possuem regiões conservadas e variáveis permitindo a identificação de diferentes níveis taxonômicos (DE SOUZA et al., 2004; ÖPIK et al., 2014; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003; SCHOCH et al., 2012; STOCKINGER; KRÜGER; SCHÜSSLER, 2010).

Sequências de SSU rDNA têm sido a principal escolha para estudar as comunidades de FMA (HELGASON et al., 1998; ÖPIK et al., 2013; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017; VAN GEEL et al., 2014). Com base em sequências dessa região, ÖPIK et al. (2010) apresentaram uma forma de resolver os problemas relacionados a falta de um sistema universal de nomenclatura aplicado a táxons de Glomeromycota identificados por meio sequências. Os autores sugeriram o emprego de “Táxons Virtuais” (VT, do inglês *Virtual Taxa*), um sistema que permite uma padronização taxonômica dos dados moleculares. Os VTs são agrupamentos de sequências derivadas de esporos identificados morfolologicamente e sequências obtidas de amostras ambientais.

ÖPIK et al. (2010) também criaram um banco de dados (MaarjAM) que contém informações de sequências de Glomeromycota e metadados associados obtidos de estudos previamente publicados. Por ser um repositório que inclui apenas dados de boa qualidade, o MaarjAM constitui uma das principais ferramentas para estudos moleculares de FMA que utilizaram o SSU rDNA como marcador.

Entre as características dos principais marcadores moleculares utilizados em estudos sobre FMA, o fragmento central do SSU que é a principal escolha para caracterização de comunidades de Glomeromycota apresenta baixa resolução para delimitação de espécies e populações de FMA (KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002). Já o espaçador transcrito interno nuclear (ITS, do inglês *Internal Transcribed Spacer*) considerado barcode para fungos (SCHOCH et al., 2012) não foi um bom marcador para separação de espécies de

Glomus do grupo Ab (STOCKINGER; WALKER; SCHÜSSLE, 2009) e também não é um bom marcador para grupos basais de Glomeromycota devido à impossibilidade de obtenção de alinhamentos confiáveis (STOCKINGER; KRÜGER; SCHÜSSLER, 2010; THIÉRY et al., 2012).

Para Glomeromycota, a escolha do conjunto de primers é um dos grandes desafios, pois muitos sistemas amplificam DNA vegetal, co-amplificam outros fungos e/ou não detectam alguns representantes de famílias basais (DANIELL et al., 2001; KOHOUT et al., 2014). Em estudo realizado por Helgason; Fitter; Young (1999) foram obtidas 10% de sequências de outros fungos ou sequências quiméricas a partir da utilização dos primers NS31-AM1. Em outro estudo, Helgason et al. (2002) co-amplificaram DNA de representantes de Basidiomycota utilizando o mesmo par de primers (NS31-AM1). Além dos citados, diferentes sistemas de primers estão disponíveis (KOHOUT et al., 2014; VAN GEEL et al., 2014) inclusive para amplificação de fragmentos que cobrem grande parte do gene ribossomal, como os primers desenvolvidos por Krüger et al. (2009), por exemplo, que podem contribuir para uma melhor resolução e caracterização da diversidade genética de FMA.

A análise das sequências também é uma etapa complicada ao se tratar de Glomeromycota, considerando que esse grupo de fungos é caracterizado por apresentar grande diversidade genética relacionada ao fato de que um único glomerosporo abrigar elevado polimorfismo (CLAPP; FITTER; YOUNG, 1999). Duas principais teorias explicam o polimorfismo registrado em Glomeromycota: (1) a teoria da heterocariose que sugere que sequências variantes ficam em diferentes núcleos e que os núcleos dentro dos esporos são geneticamente diferentes e os esporos são multigenômicos (HIJRI; SANDERS, 2005); (2) a homocariose que propõe que núcleos de populações de FMA são geneticamente uniformes com diferentes conjuntos de cromossomos (PAWLOWSKA; TAYLOR, 2004). Assim, os dados sobre variabilidade genética de FMA são importantes para determinação correta da espécie ou de variante da população (THIÉRY et al., 2012).

Como cada abordagem apresenta limitações, a utilização de métodos moleculares associados à identificação morfológica das espécies pode melhor representar a comunidade e diversidade de espécies de FMA. Com a realização de estudos desse tipo, será possível diminuir as lacunas que existem entre a taxonomia baseada em sequências de DNA e a morfotaxonomia de espécies de Glomeromycota (VAN DER HEIJDEN et al., 2015; ÖPIK et al., 2010), pois estimativas baseadas em sequências de DNA ribossomal sugerem maior riqueza de OTUs do que a riqueza de morfoespécies atualmente conhecida (VAN DER HEIJDEN et al., 2015). Além disso, a obtenção de sequências de DNA de isolados de Glomeromycota que apresentem origens

conhecidas, culturas associadas, bem como a obtenção de sequências de espécies desses fungos presentes nos grandes biomas da América do Sul, África, Ásia e Austrália, locais que apresentam poucas informações sobre a diversidade genética, permitirá melhor entendimento sobre os padrões ecológicos dos FMA (HART et al., 2015; ÖPIK et al., 2010).

1.1.9 Diversidade e ecologia de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

A diversidade de espécies é definida como uma medida que considera a riqueza de espécies e a abundância de indivíduos em uma comunidade. A partir desse tipo de informação, índices ecológicos têm sido propostos e a diferença dessas medidas é resultado do peso dado a equitabilidade ou riqueza de táxons (GOTELLI; GRAVES, 1996; MAGURRAN, 2004). Para Kempton (1979) a abundância é uma medida mais eficaz em relação à riqueza, principalmente para investigação da influência de distúrbios ambientais, pois ambientes desse tipo abrigam baixo número de táxons, porém grande abundância de espécies seguindo uma série geométrica. Por outro lado, em ambientes estáveis há grande riqueza de táxons e a distribuição da abundância de espécies segue geralmente uma distribuição log normal, ou seja, com ausência ou baixa dominância (MAGURRAN, 2004).

Informações sobre a diversidade de espécies de FMA e dos mecanismos estruturadores das comunidades desses fungos são importantes para o entendimento do papel desempenhado por esses micro-organismos para o equilíbrio dos ecossistemas. Conhecer a diversidade de FMA também é importante para a conservação desses recursos bióticos e manutenção da funcionalidade da simbiose, pois a diversidade desses fungos é intimamente relacionada à funcionalidade (WAGG et al., 2014), ou seja, o papel desempenhado para o aumento da produtividade vegetal (HOEKSEMA et al., 2010), estabelecimento de mudas (DE SOUZA et al., 2010) e a agregação do solo (RILLIG; MUMMEY, 2006) são garantidos graças à manutenção da diversidade de táxons de FMA associado ao hospedeiro ou presente no ecossistema.

Estudos de diversidade de espécies de FMA têm sido baseados em informações sobre a riqueza, distribuição e abundância de espécies e aplicação de índices ecológicos utilizando dados de áreas naturais e manejadas (DA SILVA et al., 2012; DE ASSIS et al., 2016; DE CARVALHO et al., 2012; OEHL et al., 2010; PEREIRA et al., 2014; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013). De forma geral, os hospedeiros vegetais (KAWAHARA; EZAWA, 2013; ÖPIK et al., 2010; XU et al., 2016; ZOBEL; ÖPIK, 2014) e características ambientais, tais como: variações temporais e sucessionais (BENNETT et al., 2013; DA SILVA et al.,

2015a), variáveis climáticas (DAVISON et al., 2015; HAZARD et al., 2013; XIANG et al., 2016), pH (AN et al., 2008; HAZARD et al., 2013), propriedades e tipo de solo (DE CARVALHO et al., 2012; HAZARD et al., 2013; JANSÁ et al., 2014) são os principais influenciadores da diversidade de FMA e refletem a importância dos processos determinísticos para estruturação das comunidades desses fungos (DUMBRELL et al., 2010; LIU et al., 2012).

A diversidade alfa de FMA tem sido influenciada principalmente pelos hospedeiros vegetais e às diferenças sazonais (DA SILVA et al., 2015a, 2015b; ROSENDAHL; STUKENBROCK, 2004); enquanto, a diversidade beta é relacionada aos tipos de solo e à distância espacial entre as comunidades (JANSÁ et al., 2014; LEKBERG et al., 2007; XU et al., 2016).

Com base na distribuição global de táxons, Öpik et al. (2010) observaram que espécies mais generalistas de FMA se associam com hospedeiros vegetais de ampla distribuição, enquanto FMA menos comuns se associam com grupos vegetais com pequena distribuição ecológica. Embora, o conhecimento sobre a ecologia de FMA tenha progredido gradualmente, aspectos importantes permanecem pouco compreendidos. Estudos têm mostrado dados conflitantes em relação aos estruturadores das comunidades de FMA em escala regional. Enquanto Jansa et al. (2014) observaram a influência das características do solo para a diversidade beta de FMA, Xu et al. (2016) observaram que o solo explicou pouco da variação dos dados em relação à composição das comunidades de FMA em nível regional. Para Davison et al. (2015), Moora et al. (2011) e Pölme et al. (2016) os hospedeiros vegetais e as variáveis climáticas são os principais estruturadores das comunidades de FMA.

Ainda sobre a ecologia de Glomeromycota, Hazard et al. (2013) observaram que a hipótese “Baas-Becking” que propõe que “tudo está em todo lugar, mas o ambiente seleciona” pode ser aplicada aos estudos de FMA. Dumbrell et al. (2010) observaram que tanto a adaptação local quanto os processos estocásticos exercem forte influência na composição da comunidade de FMA. Kawahara; Ezawa (2013) testaram a teoria ecológica *r* e *K* para FMA em áreas de dunas costeiras no Japão e os resultados mostraram que as espécies *r* - estrategistas foram as capazes de suportar os distúrbios relacionados ao ambiente mais próximo ao mar, enquanto que as espécies *K* - estrategistas foram as que utilizaram, sobretudo, hifas como propágulos de disseminação e não eram necessariamente sensíveis a distúrbios. Os resultados revelaram que ambientes mais próximos ao mar selecionavam espécies mais tolerantes às condições adversas desses locais, porém as espécies presentes em ambientes mais interioranos, ao contrário do que esperado, apresentaram um grande alcance de tolerância a distúrbios.

De acordo com a teoria CSR de Grime (2001) plantas estão submetidas a pressões seletivas, principalmente de estresses fisiológicos (devido a fatores externos que limitam crescimento vegetal) e relacionados a perturbações. Assim, as espécies vegetais se adaptariam a três diferentes condições: espécies adaptadas a ambientes com estresse baixo, pouca perturbação e com habilidades de competir por recursos (seriam as competidoras representadas pela letra C), espécies tolerantes a ambientes com estresse alto e pouca perturbação seriam as estresse-tolerantes (estresse-tolerantes representadas pela letra S) e espécies ruderais como, por exemplo, ervas daninhas, seriam aquelas presentes em ambientes com estresse baixo e muita perturbação (ruderais representadas pela letra R).

Chagnon et al. (2013) aplicaram a teoria CSR para as comunidades de FMA. Classificaram o fungo mais competitivo como aquele que alocaria mais carbono do seu hospedeiro vegetal, uma vez que o ganho de carbono está relacionado com a translocação de nutrientes do solo para as plantas. Considerando que o micélio externo é chave nesse processo de translocação de nutrientes e que representantes de Gigasporales destacam-se nesse aspecto porque apresentam maior investimento em micélio extrarradical, esse grupo de fungos apresentaria maior habilidade competitiva entre os táxons de Glomeromycota.

Gigasporales seria um grupo com alta adaptação ecológica (PAGANO; ZANDAVALLI; ARAÚJO, 2013) o que pode estar relacionado a sua capacidade competitiva atrelada a boa relação com os hospedeiros vegetais (maiores ganho de C devido a maior disponibilidade de P) (CHAGNON et al., 2013). Espécies vegetais que se beneficiariam de FMA competitivos seriam aquelas com grandes exigências por fósforo e com grande capacidade de obter carbono. Representantes de Acaulosporaceae, fungos geralmente caracterizados por ocorrer em condições climáticas extremas (DA SILVA et al., 2014; DE ASSIS et al., 2016; OEHL et al., 2006, 2011b), com baixa produção de biomassa intra e extrarradical em relação a Glomerales e Gigasporales (CHAGNON et al., 2013; HART; READER, 2002; MAHERALI; KLIRONOMOS, 2007), seriam classificados como estresse tolerantes. Por sua vez, táxons de Glomerales seriam ruderais por apresentarem alta taxa de crescimento e capacidade de restabelecer hifas após a fragmentação para recompor a rede micelial de forma rápida, de grande relevância em locais com distúrbios e em áreas agrícolas.

1.1.10 Fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em dunas e restingas continentais e insulares

O primeiro registro de associação de plantas de dunas com FMA ocorreu graças ao estudo desenvolvido por Nicolson (1959). Desde então têm sido registrados propágulos e espécies de FMA em áreas costeiras e revelado o papel dos FMA em conferir maior resistência aos hospedeiros vegetais para suportarem as condições hostis desses ambientes (BURCHAM et al., 2012; DA SILVA et al., 2015a; DE ASSIS et al., 2016; EBERL, 2011; GIOVANNETTI; NICOLSON, 1983; KOSKE, 1988; KOSKE; HALVORSON, 1981; KOSKE; POLSON, 1984; WELSH et al., 2010).

A presença e a função dos FMA em áreas de dunas estão, possivelmente, associadas ao fato de que nesses ambientes há baixa disponibilidade de nutrientes no solo, incluindo fósforo, os quais são importantes para as comunidades vegetais. Assim, esses fungos influenciam positivamente o estabelecimento e a manutenção das espécies vegetais em dunas e restingas porque atuam disponibilizando água e nutrientes, além de contribuir para estabilização do substrato (KOSKE; POLSON, 1984).

Os FMA também são ecologicamente importantes porque beneficiam seus hospedeiros conferindo maior tolerância contra estresses abióticos como o salino e hídrico (FOLLI-PEREIRA et al., 2012), além de proteger as espécies vegetais de herbívoros radiculares (DE LA PEÑA et al., 2006) e de patógenos (LITTLE; MAUN, 2008). Assim, nesses locais os FMA desempenham papel relevante para a disponibilização desses nutrientes e favorecem o estabelecimento, sobrevivência e crescimento das plantas (KOSKE; POLSON, 1984; MAUN, 2009; SMITH; READ, 2008).

Os Glomeromycota também influenciam o processo de sucessão primária (ESCALANTE et al., 2013; KOSKE; GEMMA, 1990), favorecendo a manutenção do equilíbrio ecológico e propiciando a sucessão das espécies vegetais (DE LEÓN et al., 2016a; LITTLE; MAUN, 2008). A associação de FMA com diferentes espécies de estágio sucessional já foi observada, como por exemplo, em gramíneas (*Ammophila arenaria*, *Panicum racemosum*, *Spartina* spp.) (BURCHAM et al., 2012; EBERL, 2011; KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006; WELSH et al., 2010), *Ipomoea pes-caprae* (CORKIDI; RINCÓN, 1997; YAMATO; IKEDA; IWASE, 2008) e *Canavalia rosea* (CORKIDI; RINCÓN, 1997; MENDOZA-GONZÁLEZ; MARTÍNEZ; LITHGOW, 2014).

O alcance da taxa de colonização micorrízica de plantas de áreas de dunas varia de 0 a 100% (JOBIM et al., 2016a; TRUFEM; MALATINSZKY; OTOMO, 1994). Na Ilha do Cardoso, em São Paulo, amostras de raízes de *Blutaparon portulacoides* e *Hydrocotyle bonariensis* apresentaram colonização variando de 0 a 90% (TRUFEM; MALATINSZKY; OTOMO, 1994). Já o número de glomerosporos recuperados foram 3 e 16 em 100 g de solo na rizosfera de *Blutaparon portulacoides* e *Hydrocotyle bonariensis*, respectivamente. Em áreas de dunas da Índia não foram registrados glomerosporos na rizosfera de *Scaevola plumieri* e também as raízes dessa espécie não apresentaram estruturas características da micorriza arbuscular (BEENA et al., 2001).

A colonização de raízes de *Ammophila arenaria* por FMA variou de 0 a 90% em amostras coletadas em dunas da Bélgica, da Escócia, da Espanha, dos Estados Unidos, da Holanda, da Inglaterra, da Itália, do País de Gales, da Polônia e de Portugal (CAMPRUBÍ et al., 2010; GIOVANNETTI, 1985; GIOVANNETTI; NICOLSON, 1983; KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002; NICOLSON, 1959; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006). Nos estudos citados foram registrados os seguintes táxons de FMA: *Acaulospora koskei*, *A. rugosa*, *Rhizoglosum aggregatum*, *R. fasciculatum*, *Scutellospora dipurpurescens* e outros táxons de *Acaulospora*, *Glomus* e *Scutellospora*.

Em dunas costeiras tropicais foram registrados 31 táxons de FMA em apenas uma localidade e índice de Shannon alcançando até 3,8 e o de Simpson 0,91 (BEENA et al., 2000). Em dunas costeiras dos Estados Unidos foram observadas mudanças na comunidade de FMA e na quantidade de estruturas micorrízicas associadas aos estágios sucessionais. No estágio sucessional primário foi identificada a maioria das famílias de Glomeromycota, enquanto nos estágios sucessionais intermediários e tardios foram registrados apenas representantes de Glomeraceae (SIKES; MAHERALI; KLIRONOMOS, 2012). Os autores registraram maior quantidade de sequências associadas a Gigasporaceae no estágio inicial onde foi quantificada menor quantidade de hifas em relação ao observado no estágio sucessional tardio (SIKES; MAHERALI; KLIRONOMOS, 2012), contrariando o comumente referido para a família Gigasporaceae que é conhecida por produzir muito micélio no solo (HART; READER, 2002; MAHERALI; KLIRONOMOS, 2007).

Em áreas de dunas no Japão foi registrada mudança da composição da comunidade de FMA associada à proximidade ou distanciamento do mar (KAWAHARA; EZAWA, 2013). Nesse estudo foram registrados 34 filotipos associados às famílias Glomeraceae (17 sequências), Acaulosporaceae (4), Diversisporaceae (4), Gigasporaceae (2), Claroideoglomeraceae (2), Paraglomeraceae (3), além de dois filotipos de Glomeromycota, que

não apresentaram relação com nenhuma família existente. Foram registrados mais filotipos associados às raízes de culturas armadilha estabelecidas com solo coletado mais distante do mar (24 filotipos) e registrados 17 filotipos nas raízes das espécies mais próximas ao mar; os autores observaram que o hospedeiro vegetal foi o principal fator estruturador, embora o solo também tenha influenciado a composição da comunidade de FMA nas áreas de dunas estudadas.

De modo geral, todas as famílias de Glomeromycota, com exceção de Geosiphonaceae, já foram registradas em áreas de dunas e restingas do mundo: Ambisporaceae (DA SILVA et al., 2012), Archaeosporaceae (AMES; LINDERMAN, 1976; D'CUNHA; SRIDHAR, 2009), Acaulosporaceae (SELVARAJ; KIM, 2004; TRUFEM; MALATINSZKY; OTOMO, 1994), Dentiscutataceae (BEENA et al., 2001; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013), Diversisporaceae (SONJAK et al., 2009), Entrophosporaceae (DE ASSIS et al., 2016), Gigasporaceae (DA SILVA et al., 2015a), Glomeraceae (DA SILVA et al., 2015b), Intraornatosporaceae (DA SILVA et al., 2015a; GOTO et al., 2009), Pacisporaceae (BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2006), Paraglomeraceae (BEENA et al., 2001), Racocetraceae (DE ASSIS et al., 2016), Sacculosporaceae (MENKIS et al., 2014) e Scutellosporaceae (DA SILVA et al., 2015a).

Em áreas de dunas na Ilha do Cardoso, em São Paulo, foi recuperada menor quantidade de esporos de FMA na rizosfera de espécies presente em locais mais próximos ao mar, como *I. pes-caprae*, em relação ao recuperado na rizosfera de espécies vegetais que se distribuem em locais mais interioranos, ambientes que apresentam menor estresse ambiental (TRUFEM; MALATINSZKY; OTOMO, 1994). Nas ilhas Galápagos foi registrada a ocorrência de FMA, um fato não esperado por SCHMIDT; SCOW (1986) que acreditavam que as primeiras plantas das ilhas seriam não micorrízicas. Os autores sugeriram que possivelmente homens e animais tenham contribuído para a introdução de FMA em Galápagos.

Barreiras e isolamento geográfico são importantes influenciadores da dispersão e evolução microbiana (PAPKE; WARD, 2004). Além disso, micro-organismos que apresentam dormência por alguns períodos e têm a capacidade de sobreviver em locais com condições hostis são os que apresentam maior alcance de dispersão (FIERER, 2008). Ainda de acordo com Fierer (2008), micro-organismos que vivem na superfície de solos e de folhas de plantas são dispersos por longas distâncias mais facilmente que os micro-organismos que vivem em solos mais profundos ou em sedimentos localizados nas zonas mais profundas do mar.

A habilidade de dispersão e densidade da população são fatores determinantes para a taxa de colonização de uma espécie em novo ambiente (MARTINY et al., 2006). Segundo FIERER (2008) ao se considerar o limite de dispersão como influenciador dos padrões

biogeográficos, assume-se a distância geográfica como um dos preditores de divergência genética entre as comunidades e desse modo espera-se que habitats em estreita proximidade abriguem espécies mais semelhantes.

No caso dos FMA, esses apresentam diferentes estratégias de dispersão, podendo ser dispersos pelo vento (MAUN, 2009), com auxílio de pássaros, coelhos, roedores, formigas e insetos (KOEHLER et al., 1995) ou co-dispersos com fragmentos de rizomas e raízes pela água do mar de uma praia para outra (KOSKE; GEMMA, 1990). Segundo Maun (2009), embora não seja possível que inóculos de FMA presentes em sedimentos oriundos do fundo do mar possam ser depositados pela ação das ondas do mar nas áreas costeiras, é possível que ocorra erosão por ondas que contribuam para o transporte de inóculos de FMA de um local para outro através de correntes (KOSKE; GEMMA, 1990).

Koske (1988) relacionou o fato do tamanho do esporo com a habilidade de dispersão pelo vento; assim espécies de FMA que produzem grandes esporos (até 1 mm de diâmetro) teriam maior dificuldade de dispersão pelo vento. No estudo de KOSKE (1988) também foi observado que o afastamento das ilhas do Havaí das áreas continentais, possíveis fontes de propágulos de FMA, bem como a idade relativamente jovem dessas ilhas (30 milhões de anos) poderiam limitar a riqueza de espécies de FMA, pois seria necessário que os propágulos conseguissem chegar às ilhas, fossem depositados próximos a raízes de hospedeiros vivos e adicionalmente deveria existir compatibilidade entre o micro e o macrosimbionte para que fosse estabelecida a colonização.

De modo geral, grandes avanços foram obtidos em relação à diversidade de FMA em áreas de dunas e restingas, porém muitos aspectos relacionados à ecologia desses fungos permanecem desconhecidos. Assim, é importante que pesquisas continuem investigando a diversidade e aspectos relacionados à dispersão, à colonização e à estrutura das comunidades de FMA em ambientes costeiros (continentais e insulares), sobretudo em locais ainda não estudados, para avançar no conhecimento sobre a biogeografia e ecologia desses importantes simbiontes vegetais.

1.2 OBJETIVOS

1.2.1 Objetivo Geral

O objetivo geral desta tese foi determinar a composição, padrões de distribuição e fatores estruturadores de comunidades de FMA em áreas de dunas e restingas do Brasil em

escalas local e regional. As seguintes hipóteses foram testadas: (1) comunidades de FMA são localmente estruturadas e espacialmente diversas; (2) as comunidades de FMA em dunas costeiras são ricas em número de espécies e em número de famílias; (3) características ambientais (fatores edáficos e climáticos) e distância entre os locais são determinantes para diversidade beta desses fungos; (4) há diferença entre a riqueza de táxons encontrada no solo e nas raízes; (5) comunidades de FMA em ambientes continentais são mais similares entre si do que as comunidades presentes em ambientes insulares próximos.

1.2.2 Objetivos Específicos

- a) Avaliar a colonização micorrízica de *Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* e espécies de Poaceae que ocorrem ao longo da costa brasileira, visando conhecer a condição micorrízica dessas espécies.
- b) Comparar a riqueza e a ocorrência de espécies de FMA em amostras de solo coletadas diretamente do campo e de culturas armadilha.
- c) Determinar qualitativa e quantitativamente as comunidades de FMA presentes nas áreas de estudo, com vistas a conhecer a riqueza e diversidade de Glomeromycota em áreas litorâneas do Brasil.
- d) Comparar as comunidades de FMA que estão colonizando as raízes vegetais, com base em sequências de *Illumina MiSeq* obtidas a partir de amplificação de um fragmento de 560 pares de bases (bp, do inglês *base pairs*) do SSU rDNA, e as comunidades presentes no solo, a partir do banco de esporos.
- e) Inferir sobre os fatores relacionados à estruturação das comunidades de FMA em áreas de restingas continentais e insulares, em diferentes regiões geográficas (Nordeste, Sudeste e Sul) e considerando diferentes hospedeiros vegetais (*Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* e espécies de Poaceae).

1.3 MATERIAIS E MÉTODOS

1.3.1 Áreas de coleta

O estudo foi conduzido em nove praias inseridas na plataforma continental e insular, nas regiões Nordeste, Sudeste e Sul do Brasil. No Nordeste, as coletas foram realizadas em duas praias (praia do Boldró e praia da Conceição) na Área de Proteção Ambiental (APA) Fernando

de Noronha - PE, praia das Minas, na APA Bonfim-Guaráíras, no Tibau do Sul - RN, Mataraca -PB, praia do Abaís na APA do Litoral Sul - SE; na região Sudeste, as coletas foram conduzidas na praia do Grumari, APA do Grumari, no Rio de Janeiro e na praia Lopes Mendes, no Parque Estadual Ilha Grande - RJ; na região Sul, a amostragem foi realizada na praia do Paiquerê, na APA do Morro dos Conventos, em Araranguá e na praia da Armação, em Florianópolis - SC (Tabela 2) (Figuras 6, 7 e 8).

Tabela 2 – Informações sobre os locais de coleta de raízes e solo ao longo da costa litorânea do Brasil

Regiões	Locais		Ambiente	Períodos		Coordenadas	Parcelas	Famílias	Espécies
				Seco	Chuvoso				Vegetais
Nordeste	Praia do Boldró ¹	Ilha		Outubro/ 2013	Julho/ 2014	03.50,43 S; 32.25,39 O; 10 m	FNIp1	Convolvulaceae	<i>Ipomoea pes-caprae</i>
						03.50,42 S; 32.25,38 O; 10 m	FNIp2		
						03.50,41 S; 32.25,36 O; 11 m	FNIp3		
						03.50,41 S; 32.25,35 O; 11 m	FNIp4		
	Praia da Conceição ¹			Outubro/ 2013	Julho/ 2014	03.50,28 S; 32.24,58 O; 10 m	FNP1	Poaceae	Poaceae sp.
						03.50,29 S; 32.24,59 O; 10 m	FNP2		
						03.50,30 S; 32.25,0 O; 9 m	FNP3		
						03.50,30 S; 32.25,1 O; 9 m	FNP4		
	Praia das Minas ²	Continente		Novembro/ 2013	Agosto/ 2014	06.14,38 S; 35.02,14 O; 8 m	RN1v1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
						06.14,39 S; 35.02,15 O; 7 m	RN3v1		
						06.14,40 S; 35.02,15 O; 5 m	RN4v1		
						06.14,42 S; 35.02,15 O; 3 m	RN6v1		
						06.14,46 S; 35.02,15 O; 2 m	RN8v1	Fabaceae	<i>Canavalia rosea</i>
						06.14,48 S; 35.02,15 O; 2 m	RN9v1		
						06.14,49 S; 35.02,15 O; 2 m	RN0v1		
						06.14,51 S; 35.02,15 O; 3 m	RNav1	Poaceae	<i>Panicum racemosum</i>
						06.14,38 S; 35.02,15 O; 10 m	RN2v1		
						06.14,39 S; 35.02,15 O; 7 m	RN3v1		
						06.14,41 S; 35.02,15 O; 4 m	RN5v1		
						06.14,43 S; 35.02,15 O; 1 m	RN7v1		

Continuação Tabela 2

Regiões	Locais	Ambiente	Períodos de Amostragem		Coordenadas	Parcelas	Famílias	Espécies Vegetais
			Seco	Chuvoso				
Nordeste	Mataraca ³	Continente	Novembro/ 2014	Julho/ 2013	06.31,15 S; 34.58,04 O; 2 m	MAIv1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
					06.31,16 S; 34.58,04 O; 2 m	MAIv1		
					06.31,21 S; 34.58,04 O; 3 m	MAFv1		
					06.31,24 S; 34.58,04 O; 2 m	MAAv1		
					06.31,12 S; 34.58,04 O; 2 m	MAAcv1	Fabaceae	<i>C. rosea</i>
					06.31,09 S; 34.58,04 O; 2 m	MAAv1		
					06.31,06 S; 34.58,04 O; 2 m	MA6v1		
					06.31,05 S; 34.58,04 O; 2 m	MA2v1	Poaceae	<i>P. racemosum</i>
					06.31,26 S; 34.58,04 O; 3 m	MApv1		
					06.31,24 S; 34.58,04 O; 3 m	MAmv1		
					06.31,22 S; 34.58,04 O; 3 m	MAkv1		
					06.31,22 S; 34.58,04 O; 3 m	MAhv1		
					06.31,11 S; 34.58,05 O; 4 m	MAbv1		
					06.31,09 S; 34.58,05 O; 4 m	MA0v1		
					06.31,07 S; 34.58,05 O; 4 m	MA8v1		
					06.31,05 S; 34.58,05 O; 5 m	MA4v1		
	Praia do Abaís ⁴	Continente	Outubro/ 2013	Agosto/ 2014	11.19,13 S; 37.16,46 O; 4 m	AI4v1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
					11.19,11 S; 37.16,46 O; 4 m	AI3v1		
					11.19,10 S; 37.16,45 O; 4 m	AI2v1		
					11.19,09 S; 37.16,44 O; 4 m	AI1v1		
					11.19,13 S; 37.16,46 O; 4 m	AI4v1	Poaceae	<i>P. racemosum</i>
					11.19,11 S; 37.16,46 O; 4 m	AI3v1		

Continuação Tabela 2

Regiões	Locais	Ambiente	Períodos de Amostragem		Coordenadas	Parcelas	Famílias	Espécies Vegetais
			Seco	Chuvoso				
Nordeste	Praia do	Continente	Outubro/	Agosto/	11.19,10 S; 37.16,45 O; 4 m	AI2v1		
	Abaís ⁴		2013	2014	11.19,09 S; 37.16,44 O; 4 m	AI1v1		
Sudeste	Praia do		Outubro/	Dezembro/	23.02,52 S; 43.31,02 O; 20 m	GR1v1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
	Grumari ⁵		2014	2013	23.02,52 S; 43.31,04 O; 16 m	GR3v1		
					23.02,52 S; 43.31,06 O; 9 m	GR5v1		
					23.02,53 S; 43.31,08 O; 6 m	GR0v1		
					23.02,52 S; 43.31,03 O; 14 m	GR2v1	Fabaceae	<i>C. rosea</i>
					23.02,52 S; 43.31,12 O; 7 m	GR8v1		
					23.02,52 S; 43.31,14 O; 7 m	GR9v1		
					23.02,53 S; 43.31,21 O; 8 m	GRbv1		
					23.02,52 S; 43.31,05 O; 14 m	GR4v1	Poaceae	<i>Stenotaphrum</i>
					23.02,52 S; 43.31,06 O; 10 m	GR6v1		<i>secundatum</i>
					23.02,52 S; 43.31,08 O; 9 m	GR7v1		
					23.02,53 S; 43.31,10 O; 7 m	GRav1		
Sudeste	Praia Lopes	Ilha	Outubro/	Dezembro/	23.10,4 S; 44.7,59 O; 7 m	IGIp1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
	Mendes ⁶		2014	2013	23.10,5 S; 44.7,57 O; 7 m	IGIp2		
					23.10,6 S; 44.7,56 O; 6 m	IGIp3		
					23.10,7 S; 44.7,54 O; 5 m	IGIp4		
					23.10,7 S; 44.7,52 O; 6 m	IGPr1	Poaceae	<i>P. racemosum</i>
					23.10,7 S; 44.7,54 O; 6 m	IGPr2		
					23.10,6 S; 44.7,55 O; 7 m	IGPr3		
					23.10,5 S; 44.7,56 O; 13 m	IGPr4		

Continuação Tabela 2

Regiões	Locais	Ambiente	Períodos de Amostragem		Coordenadas	Parcelas	Famílias	Espécies Vegetais
			Seco	Chuvoso				
Sul	Praia da Armação ⁷	Ilha	Setembro/ 2014	Dezembro/ 2013	27.43,42 S; 48.30,25 O; 13 m	FLIp1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
					27.43,42 S; 48.30,25 O; 7 m	FLIp2		
					27.43,41 S; 48.30,24O; 10 m	FLIp3		
					27.43,38 S; 48.30,24 O; 12 m	FLIp4		
					27.43,41 S; 48.30,24 O; 10 m	FLPr1	Poaceae	<i>P. racemosum</i>
					27.43,43 S; 48.30,25 O; 8 m	FLPr2		
					27.43,56 S; 48.30,27 O; 10 m	FLPr3		
					27.43,58 S; 48.30,28 O; 8 m	FLPr4		
	Praia do Paiquerê ⁸	Continente	Setembro/ 2014	Dezembro/ 2013	28.57,23 S; 49.22,40 O; 3 m	CV8v1	Convolvulaceae	<i>I. pes-caprae</i>
					28.57,22 S; 49.22,37 O; 1 m	CV6v1		
					28.57,21 S; 49.22,36 O; 1 m	CV3v1		
					28.57,20 S; 49.22,35 O; 1 m	CV4v1		
					28.57,23 S; 49.22,40 O; 3 m	CV7v1	Poaceae	<i>Spartina</i> sp.
					28.57,22 S; 49.22,37 O; 1 m	CV5v1		
					28.57,21 S; 49.22,36 O; 1 m	CV2v1		
					28.57,23 S; 49.22,40 O; 3 m	CV1v1		

¹Área de Proteção Ambiental (APA) Fernando de Noronha – PE. ²APA Bonfim-Guarairas, Tibau do Sul, RN. ³Área de restinga herbácea, Cristal Company, município de Mataraca-PB. ⁴APA Litoral Sul, Estância, SE. ⁵APA do Grumari, Rio de Janeiro, RJ. ⁶Parque Estadual Ilha Grande, Angra dos Reis, RJ. ⁷Parque Municipal da Lagoa do Peri, em Florianópolis, SC. ⁸APA do Morro dos Conventos, Araranguá, SC. Fonte: A Autora, 2017.

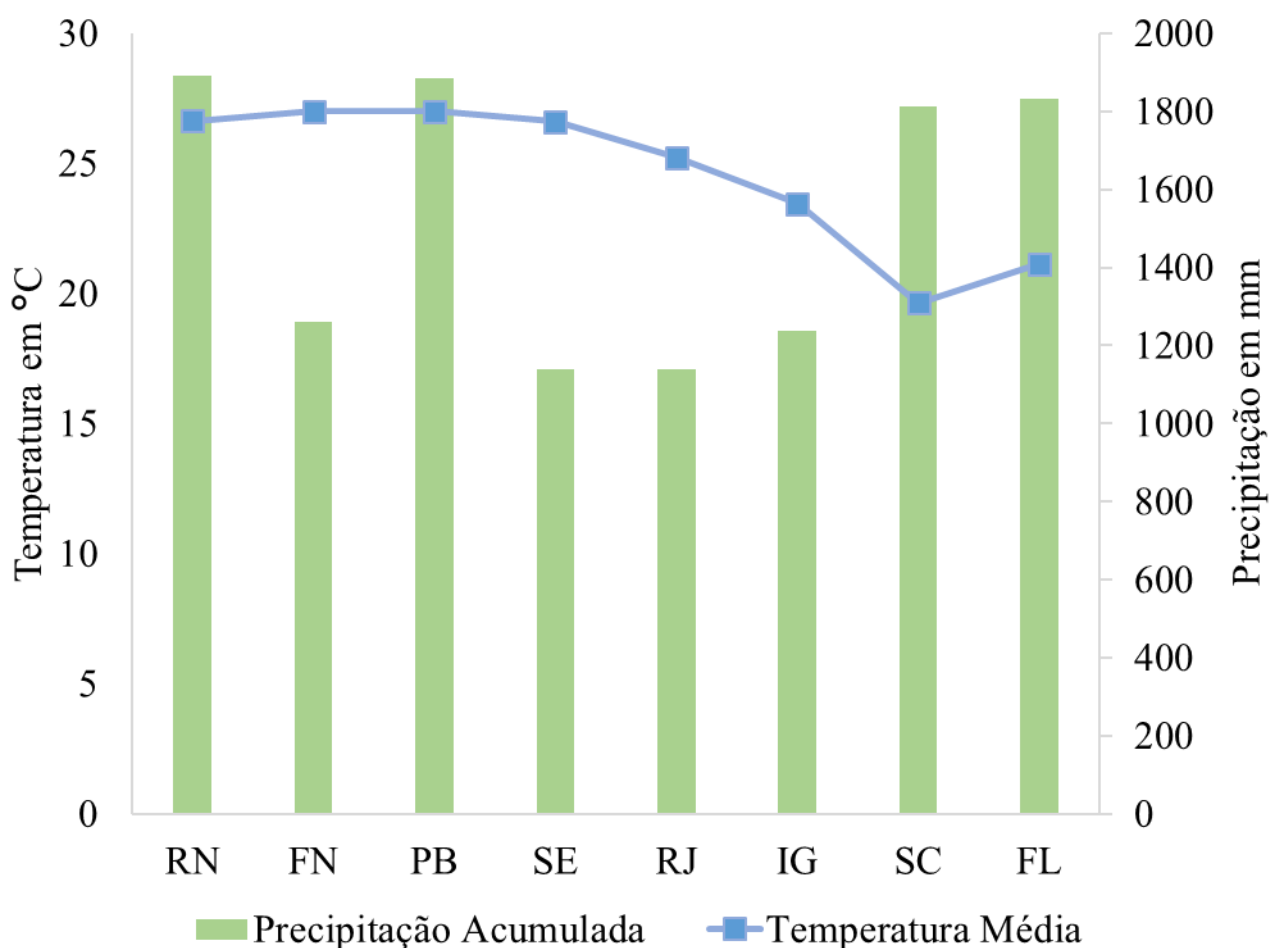
Figura 8 – Locais de amostragem de raízes e solo ao longo da costa litorânea do Brasil: praia do Grumari na APA Grumari, Rio de Janeiro - RJ (a-c), praia Lopes Mendes no PEIG, Angra dos Reis - RJ (d-e), praia da Armação, em Florianópolis - SC (f)



Fonte: A Autora, 2017.

Dados climáticos foram compilados do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia), AGRITEMPO (Sistema de Monitoramento Agrometeorológico) e APAC (Agência Pernambucana de Águas e Climas) considerando janeiro de 2004 a dezembro de 2014 e estações meteorológicas mais próximas aos locais de estudo (mais informações consultar o APÊNDICE A). Para as temperaturas são fornecidas médias anuais. Para o Rio Grande do Norte (dados obtidos para Natal), a precipitação histórica anual acumulada é 1.891,4 mm, temperatura mínima de 23,4 °C e máxima de 29,9 °C. Para a Paraíba (dados obtidos para Mataraca), a precipitação histórica anual é 1.885,7 mm, temperatura mínima de 23,4 °C e máxima 26,0 °C. Para Sergipe (dados de Aracajú), a precipitação histórica anual acumulada é de 1.140,5 mm, temperatura mínima de 23,5 °C e máxima de 26,6 °C. Para o Rio de Janeiro (capital), a precipitação histórica anual acumulada é de 1.140,2 mm, temperatura mínima de 21,9 °C e máxima de 30,3 °C. Para Angra dos Reis, a precipitação histórica anual acumulada é de 1.237,1 mm, temperatura mínima de 17,9 °C e máxima de 29,0 °C. Em Santa Catarina (Urussanga), a precipitação histórica anual acumulada é de 1.814,2 mm, temperatura mínima de 15,2 °C e máxima de 26,0 °C. Em Florianópolis, a precipitação histórica anual acumulada é de 1.833,7 mm, temperatura mínima de 17,6 °C e máxima de 25,3 °C (Figura 9).

Figura 9 – Climograma representando as médias anuais de temperatura e precipitação acumulada para locais próximos às áreas de estudo



RN: Natal, Rio Grande do Norte; FN: Fernando de Noronha, Pernambuco; PB: João Pessoa, Paraíba; SE: Aracaju, Sergipe; RJ: cidade do Rio de Janeiro; IG: Ilha Grande, Rio de Janeiro; SC: Urussanga, Santa Catarina; FL: Florianópolis, Santa Catarina. Fonte: A Autora, 2017.

Descrição das áreas de estudo

Região Nordeste

1) Fernando de Noronha – Pernambuco: a amostragem foi conduzida em duas praias da ilha, devido à dificuldade de encontrar as espécies vegetais escolhidas para o estudo (Convolvulaceae e Poaceae) ocorrendo no mesmo local. Fernando de Noronha é caracterizado por apresentar solos de origem vulcânica, pouco desenvolvidos, classificados como Cambissolos, Vertissolos ou Neossolos, relevo variando de ondulado a fortemente ondulado, clima tropical oceânico e estação chuvosa concentrada entre os meses de janeiro e junho e

estação seca entre julho e dezembro e (LACERDA, 2015; MACHADO et al., 2013; MARQUES et al., 2014). O arquipélago é dominado pela espécie vegetal leucena (*Leucaena leucocephala* (Lam.) de Wit) que foi introduzida na década de 1940 e que atualmente representa uma forte ameaça para a manutenção da vegetação nativa da ilha (MELLO, 2014; MELLO; DE OLIVEIRA, 2016). As coletas foram realizadas na praia do Boldró para amostrar solo e raízes de *I. pes-caprae* e na praia da Conceição, para amostrar solos e raízes de uma espécie de Poaceae; estas praias estão inseridas na Área de Proteção Ambiental (APA) Fernando de Noronha e ficam distanciadas 2,3 km.

2) Tibau do Sul – Rio Grande do Norte: a amostragem foi conduzida na Praia das Minas, inserida na APA Bonfim-Guaraíras (Decreto Estadual N° 14.369 de 22 de março de 1999), localizada no município de Tibau do Sul, no litoral oriental do Estado do Rio Grande do Norte, ao sul de Natal. O clima do local é tropical chuvoso (tipo Am de Köppen), com período curto de seca (quatro meses). A APA Bonfim-Guaraíras é uma unidade de conservação de uso sustentável representativa dos ecossistemas costeiros, apresenta 42 mil hectares, sendo a maior Unidade Estadual de Conservação do Rio Grande do Norte e faz parte da Reserva da Biosfera da Mata Atlântica (<http://www.idema.rn.gov.br>).

3) Mataraca – Paraíba: a amostragem foi conduzida em duas áreas de restinga, uma herbácea e outra arbustiva nas propriedades da empresa “Cristal Pigmentos do Brasil S.A.” que tem cerca de 1.000 ha e vegetação de restinga com estratos desde herbáceos a arbóreos (DE SOUZA et al., 2013; OLIVEIRA-FILHO; CARVALHO, 1993). O clima do local é tropical chuvoso (tipo Am de Köppen), com período de seca curto (iniciando em outubro até fevereiro), estação chuvosa prolongada (entre fevereiro e outubro). Para maiores informações sobre a área consultar: da Silva et al. (2012), de Souza et al. (2013) e Oliveira-Filho; Carvalho (1993).

4) Abaís – Sergipe: a coleta foi realizada na praia do Abaís localizada na APA do Litoral Sul, município de Estância. A APA do Litoral Sul é uma unidade de conservação de uso sustentável. Ocupa uma área de cerca de 60 km de costa, estendendo-se do litoral para o interior (SEMARH - Secretaria de Estado do Meio Ambiente e Recursos Hídricos - Unidades de Conservação. <http://www.semarh.se.gov.br>).

Região Sudeste

5) Grumari – Rio de Janeiro: a amostragem foi conduzida na APA Grumari. Esta APA foi criada pela Lei Municipal número 944 (30/12/86 -SMAC) e se distribui em 951 hectares abrangendo os bairros Recreio dos Bandeirantes e Barra de Guaratiba localizados na região oeste do município do Rio de Janeiro (MMA, 2008; NOGUEIRA; CÔRTEZ; VERÇOZA, 2011). A área de restinga em Grumari apresenta vegetação de restinga, costões rochosos e brejos (GUERRA, 2005; NOGUEIRA; CÔRTEZ; VERÇOZA, 2011). É uma das mais representativas em termos de espécies vegetais, abrigando inclusive táxons ameaçados de extinção (GUERRA, 2005).

6) Ilha Grande – Rio de Janeiro: É a terceira maior ilha inserida na plataforma continental do Brasil e o ponto insular mais próximo ao continente dista 3 km. A ilha fica localizada no Sul do Estado do Rio de Janeiro e apresenta uma área de 19.000 hectares (COGLIATTI-CARVALHO; ROCHA, 2001; INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE, 2013). É formada por um afloramento de partes mais proeminentes do embasamento rochoso relacionado à Serra do Mar. A última inundação (transgressão marinha) iniciou-se há 18.000 anos, após a última glaciação, afogando progressivamente a plataforma continental. O último isolamento da Ilha Grande do continente iniciou-se há cerca de 7.000 anos (INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE, 2013). As coletas foram realizadas na Praia Lopes Mendes, inserida no Parque Estadual Ilha Grande (PEIG), em Angra dos Reis, RJ. O PEIG foi criado pelo Decreto Estadual nº 15.273, em 26 de junho de 1971 e fica inserido na Baía da Ilha Grande que é caracterizada por apresentar clima tropical úmido (Af) segundo Köppen, com maior precipitação em janeiro e julho sendo o mês mais seco (INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE, 2011, 2013). O Parque também é caracterizado por apresentar Latossolos vermelho-amarelo alítico, Cambissolos, afloramentos rochosos e áreas de floresta ombrófila densa, restinga e manguezal. (INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE, 2013).

Região Sul

7) Florianópolis – Santa Catarina: a amostragem foi realizada na Praia da Armação que apresenta 3.500 m de extensão, no Parque Municipal da Lagoa do Peri, na Ilha de Santa Catarina (MAZZER; DILLENBURG, 2009). O avanço do mar e processos de ordem estrutural foram determinantes para a formação da ilha que foi isolada do continente há 10.500 anos aproximadamente (HORN, 2006). A Ilha apresenta 431 km² de área e se distancia cerca de 600

m do continente; é caracterizada por formações florestais relacionadas à Floresta Atlântica (Floresta Ombrófila Densa, manguezais, praia, dunas e restinga). O clima do local é mesotérmico, sem estação seca definida e verão quente (FERREIRA; ZANIN, 2014).

8) Araranguá – Santa Catarina: as coletas foram realizadas na Praia do Paiquerê, na APA Morro dos Conventos, em Araranguá, sul do Estado. O clima da região é Cfa, de acordo com a classificação de Köppen, clima subtropical úmido, sem estação seca e com verão quente e a área faz parte do domínio geológico da Planície Costeira (CAMPOS, 2010). Os solos predominantes na região são Neossolos Quartzarênicos, Organossolos e Gleissolos (CAMPOS, 2010).

1.3.2 Amostragem geral (todos os locais incluindo restingas continentais e insulares)

Inicialmente foi conduzido um levantamento com base em artigos publicados para definição de quais espécies vegetais seriam escolhidas para a condução deste estudo. Foi observado que *Ipomoea pes-caprae* (família Convolvulaceae) é a espécie mais frequente em áreas de restinga praiana no Brasil. Além de *I. pes-caprae*, representantes de Fabaceae (geralmente *Canavalia rosea*) e Poaceae também ocorrem nesses ambientes, mas as espécies são diferentes entre os locais, principalmente em relação às gramíneas. Assim, foram selecionadas plantas de *I. pes-caprae*, *Canavalia rosea* e de gramíneas dominantes em cada local. Não foi possível encontrar espécies de Fabaceae na praia do Abaís, em Sergipe, e na praia do Paiquerê, em Santa Catarina.

As coletas foram conduzidas em 2013 (julho a dezembro) e 2014 (agosto a novembro) (Tabela 2). Paralelamente ao mar, foram delimitadas quatro parcelas de 5 x 20 m e, no interior das parcelas, coletadas 10 plantas e 10 subamostras de solo sob influência das espécies vegetais. As subamostras de solo foram homogeneizadas para formar uma amostra composta e também foram recolhidas raízes das 10 plantas coletadas para formar uma amostra composta. Doze parcelas foram delimitadas para coleta de solo e raízes das três espécies vegetais (Mataraca - PB, Praia das Minas – RN e Praia do Grumari) e oito parcelas para coleta de solo e raízes de *I. pes-caprae* e de espécies de Poaceae (praia do Abaís – SE, Fernando de Noronha – PE, praia Lopes Mendes – RJ, praia da Armação – FL e praia do Paiquerê – SC). As parcelas foram georreferenciadas com auxílio de GPS (marca Garmin) e todas as parcelas tinham uma distância mínima de 30 m entre si. Após a amostragem, as raízes foram separadas das plantas, lavadas

com água corrente e armazenadas em álcool 70% para avaliação da taxa de colonização micorrízica e em álcool 70% e a -20 °C para as análises moleculares.

1.3.3 Análises dos atributos físicos e químicos do solo

Foram consideradas 24 amostras (12 por período de coleta) para determinação dos atributos químicos e 12 amostras para determinação dos atributos físicos já que a física do solo não apresenta mudanças significativas em curto prazo. Para as Praias do Abaís e Paiquerê foram consideradas oito amostras por período para as análises químicas e quatro para as análises físicas. Essas análises foram realizadas na Estação Experimental de Cana-de-açúcar da Universidade Federal Rural de Pernambuco, em Carpina, PE.

Os atributos químicos do solo foram avaliados seguindo a metodologia descrita por Da Silva et al. (1998): o pH foi medido usando suspensão do solo em água (1:2,5; peso:volume); Ca^{2+} e Mg^{2+} foram extraídos com KCl 1M e avaliados por absorção atômica; K^+ , Na^+ , P, Cu, Zn e Mn foram extraídos usando o reagente de Mehlich 1 (0,05 de HCl + 0,0125 de H_2SO_4). Para extração do Cu, Zn, Mn e Fe foi utilizada a proporção 1:5 de solo:reagente, enquanto para a extração dos macronutrientes foi utilizada a proporção de 1:10 de solo:reagente. Os conteúdos de K^+ e Na^+ foram determinados usando fotômetro de chama, o P por colorimetria e o Cu, Zn, Mn e Fe por espectrofotometria de absorção atômica. Os teores de carbono orgânico e a matéria orgânica do solo foram avaliados pelo método de oxidação em dicromato de potássio e titulação do excesso de dicromato de potássio pelo sulfato ferroso amoniacal; H^+ + Al^{3+} foram determinados pelo método do acetato de cálcio e titulação alcalimétrica do extrato; SB é a soma das bases (Na^+ , K^+ , Ca^{2+} e Mg^{2+}); CTC é a capacidade de troca de cátions (SB + acidez potencial que é $\text{Al} + \text{H}$); V é a saturação de bases (porcentagem de SB/CTC); m% é a porcentagem de saturação por alumínio. Os atributos físicos (areia grossa, areia fina, silte e argila) foram determinados pelo método da pipeta (EMBRAPA, 1997).

1.3.4 Determinação da taxa de colonização micorrízica

Raízes foram separadas diretamente de dez plantas hospedeiras coletadas em cada parcela para formar quatro amostras compostas por espécie vegetal. Após separação, as raízes foram lavadas em água corrente, clarificadas com KOH (10%) em temperatura ambiente por 24 horas e coradas com azul de Trypan (0,05%) (PHILLIPS; HAYMAN, 1970). Amostras com

raízes muito pigmentadas foram tratadas com H₂O₂ durante 10 min antes da coloração com azul de Trypan.

A taxa de colonização micorrízica foi estimada pelo método de intersecção de McGonigle et al. (1990) modificado neste estudo por considerar além de hifas, arbúsculos, vesículas também esporos como estruturas que caracterizam a associação micorrízica. Embora a maioria dos artigos que analisa a colonização micorrízica não informe sobre a presença de esporos no interior de raízes, no presente estudo se considerou esses propágulos já que algumas espécies de FMA esporulam no interior de raízes (MERGULHÃO et al., 2014; SIEVERDING et al., 2014).

1.3.5 Culturas armadilha

Culturas armadilha foram estabelecidas com objetivo de recuperar esporos sadios e ter melhor acesso à diversidade de espécies de FMA, considerando que a esporulação de FMA é sazonal, ou seja, é possível que um determinado táxon esteja colonizando as raízes, mas no momento da coleta não esteja produzindo esporos (BARTZ et al., 2008). Os vasos de cultura (quatro por amostra de solo coletada na rizosfera de *I. pes-caprae*, *C. rosea* e espécies de Poaceae em cada local e dois períodos) foram montados na casa de vegetação do Departamento de Micologia da UFPE. Foram utilizados 2 Kg do solo coletado para o estabelecimento dos vasos. Sementes de *I. pes-caprae* foram semeadas nos vasos com solo sob influência de *I. pes-caprae*, sementes de *C. rosea* nos vasos com solo coletado sob influência de *C. rosea* e milho para os vasos montados com solo amostrado na rizosfera das espécies de Poaceae. Foram quatro vasos de cultura por cada espécie vegetal, local e período.

Os vasos de cultivo permaneceram em casa de vegetação ao longo de um ciclo de oito meses, sendo irrigados diariamente. As culturas foram fertilizadas a cada quinze dias com solução de Hoagland (HOAGLAND; ARNON, 1950) modificada por Jarstfer; Sylvia (1992). Ao final do ciclo, as plantas foram submetidas a estresse hídrico durante uma semana para favorecer a esporulação e amostras de solo foram coletadas para extração de esporos e identificação das morfoespécies de FMA.

1.3.6 Extração de glomerosporos e esporocarpos, quantificação e identificação de espécies de FMA

Glomerosporos e esporocarpos de FMA foram extraídos de amostras de 100 g de solo pelo método de peneiramento úmido (GERDEMANN; NICOLSON, 1963) e centrifugação em água e sacarose 50% (JENKINS, 1964), usando peneiras com abertura de 850 e 45 µm. Os glomerosporos e esporocarpos foram quantificados em placa canaletada com auxílio de esteromicroscópio (40 x), separados em morfotipos com auxílio de um estereomicroscópio e montados em lâminas com álcool polivinílico em lactoglicerol (PVLG) e PVLG + reagente de Melzer para identificação das espécies de FMA usando literatura pertinente e seguindo a classificação proposta por OEHL et al. (2011a) e atualizações com descrições de novas espécies.

1.3.7 Análises Moleculares

Extração de DNA de raízes

Raízes foram secas a 50 °C por 3 horas, maceradas em nitrogênio líquido, com uma pequena quantidade de PVP (“polyvinylpyrrolidone”, PVP K10, MW 10.000) para remoção de compostos polifenólicos (MALIYAKAL, 1992) e o DNA foi extraído de 100 mg do material pulverizado com auxílio do kit DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) seguindo as recomendações do fabricante. A quantificação do DNA foi conduzida com auxílio de um espectrofotômetro (NanoDrop® ND-1000), a razão entre os valores de absorbância a 260 e 280 nm foi considerada como uma estimativa da pureza do extrato obtido e a integridade do DNA foi verificada em gel de agarose a 1% em tampão TAE 1 X (0,04 M de Tris-Acetato, 0,001 M de EDTA, pH 8,0), corados com Gel Red™ (Biotium, Hayward, Califórnia, USA). O gel foi visualizado em luz UV e fotodocumentado com auxílio do equipamento Gel Logic 200 (KODAK Company, Rochester, NY, USA). A qualidade do DNA extraído também foi verificada por meio de reação em cadeia da polimerase (PCR) e devido à dificuldade para amplificar o DNA foi utilizada eventualmente outra metodologia para a extração de DNA genômico.

Para a segunda forma de extração de DNA genômico, foi seguido o método CTAB (“cetyl trimethylammonium bromide”) com base em Saghai-Marooft et al. (1984) e Heinonsalo; Jørgensen; Sen (2001) modificada pelo grupo da Embrapa Milho e Sorgo. Alíquotas de 200 mg de amostras pulverizadas de raízes foram transferidas para tubos de 2 mL com 800 µL de

tampão CTAB (CTAB 2% (m/v)); NaCl 1,4 M, Tris- HCl 0,2 M em pH 7,5, EDTA 0,02 M em pH 8,0) contendo 0,1 mg de proteinase K, carvão ativado a 0,5% (p/v) e 40 μ L de β -mercaptoetanol 2% (v/v). Os tubos foram incubados em banho-maria a 65 °C durante 60 minutos, com agitação a cada 15 minutos. Após a incubação, foram adicionados 800 μ L da solução de clorofórmio:octanol (24:1, v/v), homogeneizados por inversão durante 15 minutos, centrifugados a 14.000 rpm por 10 min em centrífuga Eppendorf para purificação das amostras. Em seguida, o sobrenadante foi transferido para microtubos de 2 mL e 1 mL de isopropanol a -20 °C foi adicionado, feita a homogeneização por inversão e os tubos foram incubados a -20 °C *overnight*.

No dia seguinte, as amostras foram centrifugadas a 14.000 rpm por 10 minutos, o sobrenadante foi descartado cuidadosamente e o precipitado foi lavado com 200 μ L de etanol a 70% a -20 °C. Os tubos foram novamente centrifugados a 14.000 rpm por 10 minutos, o sobrenadante foi removido e as amostras foram secas em temperatura ambiente até a completa evaporação do etanol residual. Foram adicionados 50 μ L de água esterilizada para eluição do DNA e conduzida a quantificação do DNA extraído conforme citado anteriormente. Após a extração, embora tenha sido possível obter uma concentração de DNA maior em relação ao que foi obtido com a extração baseada no kit DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen), as amostras apresentavam baixo grau de pureza com a maioria dos extratos variando de amarelo escuro a marrom e os valores de absorbância a 260 e 280 nm aferidos em espectrofotômetro (NanoDrop® ND-1000) superiores a 1,80.

Uma terceira forma de extração de DNA foi empregada como tentativa de obtenção de uma maior quantidade de DNA genômico com maior qualidade. Alíquotas de 80 mg de amostras de raízes pulverizadas foram utilizadas e a extração foi conduzida com auxílio do kit 'PowerSoil® 96 Well Soil DNA Isolation' (MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA) seguindo as especificações do fabricante, com as seguintes modificações: após adicionar 60 μ L de Solução C1 as amostras foram homogeneizadas e com auxílio de FastPrep (4,5 m/s por 30 segundos) para quebra das células. Para aumentar o rendimento do DNA, os tubos foram agitados brevemente com auxílio de um vortex e colocados em 60° C por 10 minutos. Antes de adicionar o tampão de eluição final, as amostras foram secas durante 15 minutos em temperatura ambiente e a eluição final foi conduzida duas vezes com 75 μ L de Solution C6 (SAKS et al., 2014).

Primeira abordagem: amplificação de amostras de DNA extraído de raízes, purificação, clonagem e sequenciamento

O DNA extraído de amostras de raízes foi utilizado para amplificação de um fragmento do gene ribossomal incluindo final do SSU, o ITS inteiro e parte do LSU do rDNA usando os primers SSUmAf-LSUmAr (fragmento de Krüger, Figura 10) (KRÜGER et al., 2009). Esse sistema de primers foi escolhido com base no trabalho de Kohout et al. (2014) que observaram maior especificidade desses primers para obtenção de sequências de Glomeromycota, além de gerar um fragmento de 1.500 bp cobrindo o ITS e LSU do rDNA, possibilitando melhor delimitação de grupos de Glomeromycota (KRÜGER et al., 2009).

Figura 10 – Região alvo do rDNA e localização dos primers do fragmento proposto por Krüger



Fonte: Krüger et al., 2009.

Para amplificação do fragmento Krüger é necessário empregar a abordagem de Nested-PCR. A primeira reação para amplificar um fragmento de aproximadamente 1.800 pb foi conduzida em um volume total de 25 µL contendo 5 µL do tampão de PCR 10×, 0,2 mM dNTPs, 0,6 mM de cada primer, 1 U Taq DNA polymerase (Dream, Fermentas) e os testes foram conduzidos variando de 1 a 5 µL do DNA alvo. O programa para primeira reação foi: desnaturação inicial a 95 °C por 3 minutos, 39 ciclos de desnaturação a 95 °C por 45 segundos, anelamento a 60 °C por 1 minuto e extensão a 72 °C por 2 minutos e extensão a 72 °C por 10 minutos. Foram utilizados 5 µL do produto da PCR para checar o sucesso da PCR em gel de agarose a 1 % (p/v).

Para a segunda reação foram realizados testes variando a quantidade e concentração do produto da primeira reação. Os primers foram SSUmCf-LSUmBr (fragmento amplificado de 1.500 bp) e foram utilizados os seguintes parâmetros de ciclagem: desnaturação inicial a 95 °C por 3 minutos, 34 ciclos de desnaturação a 95 °C por 45 segundos, anelamento a 63 °C por 1 minuto e extensão a 72 °C por 1:40 minuto e extensão a 72 °C por 10 minutos. As amplificações foram realizadas em termociclador modelo Veriti™ 96-Well Thermal Cycler (Applied Biosystems, EUA). Os produtos da Nested PCR foram separados em gel de agarose a 1% (p/v)

em tampão TAE 1 X, corados com Gel Red™ (Biotium, Hayward, Califórnia, USA). O gel foi visualizado em luz UV e fotodocumentado com auxílio do equipamento Gel Logic 200 (KODAK Company, Rochester, NY, USA).

Não foi possível obter *amplicons* utilizando os primers propostos por Krüger et al. (2009). Assim, o primer SSUmCf (*forward*) foi substituído pelo ITS 1F (GARDES; BRUNS, 1993), mantido o LSumBr (*reverse*) e após várias tentativas de amplificação do DNA foram obtidos *amplicons* para < 15% das amostras.

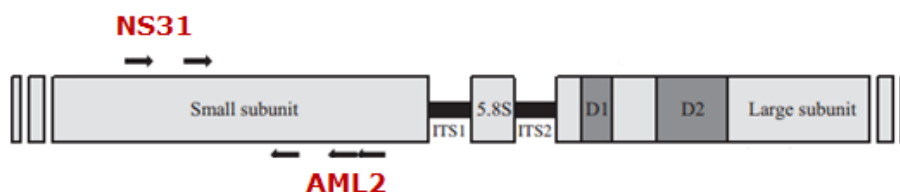
Os produtos da Nested-PCR foram purificados com o kit “Wizard® SV Gel and PCR-Clean Up System” (Promega, Germany), seguindo as recomendações do fabricante. Os *amplicons* purificados foram ligados em pGEM-T Easy Vector System (Promega, USA) e a transformação em células quimiocompetentes de *Escherichia coli* DH-5a foi feita seguindo as instruções do fabricante.

As células quimiocompetentes foram obtidas seguindo o protocolo disponível em Green; Sambrook (2012). Clones contendo o inserto foram selecionados por meio de uma seleção de colônias brancas/azuis, sendo as brancas as que receberam o inserto. As colônias brancas selecionadas foram crescidas *overnight* a 37 °C em meio líquido Luria–Bertani (5 g de extrato de levedura, 10 g de triptona, 5 g de NaCl e água deionizada para completar o volume final de 1 L, pH 7.5) contendo ampicilina (50 µg mL⁻¹). Foi gerada uma biblioteca de clones usando as amostras amplificadas e que apresentaram fragmentos do tamanho esperado. As reações de sequenciamento foram realizadas apenas na fita senso (*forward*), para saber se a estratégia empregada seria eficaz para obtenção de sequências de FMA, usando o primers ITS1 F em BigDye® Terminator v3.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA).

Segunda abordagem: amplificação de amostras de DNA extraído de raízes, purificação e construção de bibliotecas com base em Illumina MiSeq

A partir do DNA genômico de raízes foi amplificado um fragmento de 560 bp do SSU rDNA (Figura 11), usando os primers NS31 e AML2 (LEE; LEE; YOUNG, 2008; SIMON; LALONDE; BRUNS, 1992), para a preparação da biblioteca de *amplicons* e sequenciamento na plataforma *Illumina MiSeq*. As reações em cadeia da polimerase (PCRs) foram conduzidas em duas etapas, a primeira para amplificar o fragmento alvo e ligar parcialmente os adaptadores e a segunda para finalizar a ligação dos adaptadores e adicionar os identificadores das amostras.

Figura 11 – Região alvo do SSU rDNA e localização dos primers utilizados no presente estudo (NS31-AML2)



Fonte: Van Geel et al., 2014 (modificado)

Foram utilizados 3 μL de DNA estoque ou do DNA diluído dez vezes para a primeira reação e 5 μL do produto amplificado purificado para a segunda reação. As reações foram preparadas usando DNA molde (3 ou 5 μL), 0,2 μM de cada primer e mix de PCR Smart-Taq Hot Red 2x contendo 0,1 U μL^{-1} Smart Taq Hot Red Thermostable DNA Polymerase, 4 mM MgCl_2 e 0,4 mM dATP, 0,4 mM dCTP, 0,4 mM dGTP, 0,4 mM dTTP (Naxo OÜ, Estônia) completando um volume de 30 μL para a primeira reação e 50 μL para a segunda reação.

Para a primeira reação, foram utilizadas as seguintes condições de ciclagem: 95 °C por 15 min, 40 ciclos de 95 °C por 30 segundos, 65 °C por 30 segundos, 72 °C por 60 segundos seguido de 72 °C por 10 min; para a segunda reação foi utilizado 95°C por 15 min, 15 ciclos de 95 °C por 30 segundos, 55 °C por 30 segundos, 72 °C por 60 segundos, por 72 °C por 5 min. Os produtos da PCR foram verificados em eletroforese em gel de agarose a 1% e purificado com Agencourt® AMPure XP Kit® (Beckman Coulter Inc.). Amostras foram eluídas em tampão EB (10 mM Tris-Cl, pH 8,5; QIAGEN Inc.). A concentração média dos *amplicons* na amostra foi 20,9 ng μL^{-1} . Procedimentos preparatórios para o sequenciamento *Illumina* (PCRs e purificação dos produtos de PCR) foram conduzidos pela empresa BiotaP LLC (Tallinn, Estônia). O DNA mix foi sequenciado em *Illumina MiSeq 2*300 pb v3* (máximo de 20.000.000 leituras) na empresa Microsynth AG (Balgach, Suíça).

1.3.8 Análises de bioinformática

Primeira abordagem: amplificação de amostras de DNA extraído de raízes, purificação, clonagem e sequenciamento

Foi conduzida uma consulta no BLASTn (em inglês, *Basic Local Alignment Search Tool*) do banco de dados do NCBI (em inglês, *National Center for Biotechnology*) considerando

valor de identidade $\geq 97\%$ e cobertura da sequência em relação a referência $\geq 95\%$. Os resultados demonstraram que apenas 10% das sequências obtidas foram relacionadas à Glomeromycota (*Rhizoglyphus intraradices*), enquanto que 80% foram de planta (*I. pes-caprae*).

Segunda abordagem: amplificação de amostras de DNA extraído de raízes de I. pes-caprae, Canavalia rosea e espécies de Poaceae, purificação e construção de bibliotecas com base em Illumina MiSeq

Após o sequenciamento foram obtidas 2 x 19.342.297 de leituras em pares (*paired-end raw reads*) e esse conjunto de dados foi analisado como recomendado em Davison et al. (2012) para análise de sequências 454/Roche com alguns ajustes para suportar sequências de *Illumina*. As etapas relacionadas a análise das sequências foram:

- Pré-processamento

Nesta etapa foi conduzida a limpeza do conjunto de dados. Leituras que não apresentavam o correto primer (NS31 ou AML2) e tinham escore de qualidade médio ≤ 30 (q 30 indica 1 nucleotídeo errado por 1.000 bp) foram removidas. Nesta etapa também foram retiradas as sequências de primers das leituras. As leituras remanescentes, foram combinadas com o programa Fast Length Adjustment of SHort reads - FLASH (MAGOC; SALZBERG, 2011) considerando no mínimo a sobreposição de 10 bp com 75% de identidade. Sequências quiméricas (aquelas constituídas por fragmentos de DNA de origens diferentes e que são frutos de erros de amplificação por PCR ou de clonagem de DNA) também foram descartadas com auxílio do programa UCHIME (EDGAR et al., 2011) usando como referência o banco de dados de Glomeromycota MaarjAM (ÖPIK et al., 2010) e seguindo as recomendações de Davison et al. (2012). Esse banco de dados contém informações de sequências de Glomeromycota obtidas a partir da amplificação de fragmentos do SSU rDNA e os metadados associados (ÖPIK et al., 2010). Por fim, foram removidas as leituras que não apresentavam pelo menos 450 bp. Após esta etapa de limpeza, foram mantidas 10.228.688 de leituras para análises subsequentes.

- Pre-agrupamento (Identificação dos Táxons Virtuais - VTs):

Foi utilizada uma abordagem de escolha de unidade taxonômica operacional com base em referência-aberta para a identificação taxonômica das leituras (BIK et al., 2012). Um pré-agrupamento das leituras foi conduzido utilizando como referência o banco de dados MaarjAM

(ÖPIK et al., 2010, 2014). Em novembro de 2016, o MaarjAM apresentava 352 VTs (DAVISON et al., 2012; ÖPIK et al., 2009).

Foi conduzido um BLAST contra o MaarjAM usando os seguintes critérios: similaridade de sequências $\geq 97\%$, comprimento do alinhamento cobrindo $\geq 95\%$ do comprimento da sequência obtida em relação à sequência de referência e BLAST e-value < 1 e -50 . Após esta etapa, 9.518.864 sequências foram relacionadas a 135 VTs do MaarjAM, enquanto 709.824 não apresentaram relação com as sequências do banco de dados e podem representar novos VTs. Essas sequências foram retidas para as análises posteriores.

- Identificação de novos VTs

As sequências que não apresentaram correspondência com as do banco de dados MaarjAM foram identificadas por meio da realização de um novo BLAST contra a base de dados “International Nucleotide Sequence Database – INSD”, com base nos seguintes critérios: limiar de similaridade $\geq 90\%$, comprimento do alinhamento cobrindo $\geq 90\%$ da sequência obtida em relação à sequência de referência (a do banco de dados) e BLAST e-value $< 1e-50$, como recomendado para condução de trabalhos com Glomeromycota, com base em sequências de SSU rDNA (DAVISON et al., 2012; ÖPIK et al., 2009; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017).

As sequências foram agrupadas com 97% de identidade usando o USEARCH *clustering*. Neste estudo foram considerados apenas os agrupamentos que apresentavam ≥ 1.000 sequências (resultando em 48 agrupamentos), uma vez que o USEARCH apresenta a desvantagem de superestimar o número de agrupamentos reais. As novas sequências foram alinhadas com as sequências do MaarjAM usando o serviço de alinhamento de sequências múltiplas (“Multiple alignment program for amino acid or nucleotide sequences – MAFFT 7”) versão online de alinhamento (<http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/large.html>) (KATO; STANDLEY, 2013). As sequências alinhadas foram submetidas a análises de neighborjoining (F84 com taxa de substituição gama) no TOPALI v.2.5 (MILNE et al., 2009). Um conjunto de sequências dos grupos que foram bem resolvidos na árvore gerada e com alto valor de bootstrap ($\geq 98\%$) foram considerados como novas sequências de VTs e serão depositados no MaarjAM.

1.3.9 Análises estatísticas e ecológicas

Os seguintes dados foram determinados para todas as amostras: abundância de esporos, riqueza de espécies de FMA (S) e índice de diversidade de Shannon-Wiener (H'). A abundância

relativa de esporos foi usada para análises das comunidades de FMA e para comparação da abundância de esporos por família de Glomeromycota, enquanto o número de sequências foi considerado como dados de abundância para os VTs. Para análise geral das comunidades de FMA (usando dados de taxonomia morfológica e dados moleculares), foram considerados dados de presença e ausência de táxons para minimizar os problemas relacionados às diferentes metodologias empregadas.

Para calcular o número estimado de espécies foi aplicado o índice Jackknife de primeira ordem (Jackknife 1). O índice de diversidade de Shannon foi calculado com base na equação $H' = -\sum(P_i \ln(P_i))$, onde $P_i = n_i/N$, n_i = número de indivíduos da espécie i , N = número total de indivíduos de todas as espécies (SHANNON; WEAVER, 1948). Para fins estatísticos, os valores de H' foram convertidos em $\text{Exp}(H')$. Foi aplicado um método estimativo baseado na extrapolação da curva para saber quantas amostras seriam necessárias para representar toda a riqueza de FMA (CHAO; WANG; JOST, 2013; HSIEH; MA; CHAO, 2016).

Para testar a relação das espécies com ambientes, plantas, regiões e locais foi empregada a análise de espécies indicadoras (DUFRENE; LEGENDRE, 1997). A significância do valor de indicação (IndVal) foi avaliada aplicando o teste de Monte Carlo com 1.000 permutações e consideradas como espécies indicadoras as que apresentavam um valor de P significativo ($P < 0,05$) e $\text{IndVal} \geq 25\%$ (DE ASSIS et al., 2016; MOORA et al., 2014).

Para combinar as informações dos diferentes atributos do solo em relação aos locais amostrados foi aplicada a análise de componentes principais (PCA) com dados do solo transformados em raiz quarta. Para visualização das dissimilaridades na composição de comunidades de FMA, foi utilizado o escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) e distância de Bray-Curtis. Foi empregada a função "envfit" com 999 permutações para determinar quais variáveis apresentavam correlação significativa com as comunidades de FMA. As variáveis abióticas selecionadas foram utilizadas para análise de correspondência canônica (CCA). O BIO-ENV também foi empregado para investigar quais atributos edáficos (dados transformados em raiz quarta) apresentaram máxima correlação com as dissimilaridades da comunidade de FMA (CLARKE; AINSWORTH, 1993).

Análises de variância permutacionais multivariadas (PERMANOVA) foram aplicadas, com base na distância Euclidiana, para testar se a composição do solo difere entre os ambientes, locais e regiões. Antes das análises, os dados foram relativizados na coluna para eliminar as diferenças nas unidades medidas de cada atributo do solo. PERMANOVA foi aplicada para testar as diferenças na composição de comunidades de FMA entre ambientes, plantas, períodos e locais, usando a distância de Bray-Curtis. Para testar se a composição de comunidades de

FMA foi diferente para as praias em Fernando de Noronha, foi aplicada PERMANOVA e o resultado mostrou que não houve diferença, então consideramos as duas praias como um local (FN).

Diagramas de Venn foram construídos usando a ferramenta “*Calculate and draw custom Venn diagrams*” disponível na internet (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/Venn/>). Como não foi possível amplificar o DNA de todas as amostras de raízes, para a construção do diagrama de Venn com a comparação da riqueza recuperada a partir do banco de esporos sob influência de cada espécie vegetal e da riqueza com base em dados moleculares, foram utilizadas exatamente as mesmas amostras onde foi possível obter dados para as duas abordagens utilizadas (n=57).

Para determinar se a riqueza e diversidade de espécies de FMA, taxa de colonização micorrízica e atributos do solo variaram entre locais, períodos e/ou regiões foram empregadas análises de variância (ANOVA) e quando detectadas diferenças significativas foi aplicado o teste de Tukey. A priori foram verificadas a normalidade dos dados e a homogeneidade das variâncias, sendo realizadas as devidas transformações quando necessário. Todas as análises estatísticas foram conduzidas com base em $P < 0,05$, exceto nos casos de comparações múltiplas em que o valor de P foi corrigido com base no teste de Bonferroni. Foi conduzida uma análise de correlação simples de Pearson com os dados de sequências e colonização micorrízica total.

As análises univariadas foram realizadas com auxílio do programa estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) usando o pacote agricolae (DE MENDIBURU, 2009). Para as análises de riqueza e de diversidade de espécies de FMA, PCA, BIO-ENV e curvas de acumulação de espécies foi utilizado o programa Primer 6.0 (CLARKE; GORLEY, 2006). Análise de espécie indicadora foi realizada com auxílio do programa PC-ORD 6.0 (MCCUNE; MEFFORD, 2011). O NMDS, “*envfit*” e CCA foram conduzidas com auxílio do R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) usando o pacote vegan (OKSANEN et al., 2010).

2 RESULTADOS

2.1 RESTINGAS CONTINENTAIS E INSULARES: HABITATS PARA COMUNIDADES DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES (FMA)

Os resultados deste tópico incluem dados obtidos em seis restingas continentais e insulares do Brasil, considerando: *Ipomoea pes-caprae* e representantes de Poaceae.

2.1.1 Atributos edáficos

Os solos das restingas continentais e insulares estudados são arenosos (>90% de areia), com predominância de areia grossa na praia das Minas (Rio Grande do Norte - RN), Fernando de Noronha (FN), na praia do Grumari (Rio de Janeiro - RJ) e na praia da Armação (Florianópolis - FL) e de areia fina na praia Lopes Mendes (Ilha Grande - IG) e na praia do Paiquerê (Santa Catarina - SC) (Tabela 3).

De modo geral, solos de restingas em ambientes continentais e insulares do Brasil têm pH variando de ácido (fraco), neutro a alcalino (forte), baixos teores de carbono orgânico e matéria orgânica, elevada concentração de ferro, com exceção de Fernando de Noronha, e são eutróficos (Tabela 4). Com base em PERMANOVA, a composição do solo diferiu entre continente e ilha (adonis R²= 0.103, *P*<0.001) e entre locais (adonis R²= 0.810, *P*<0.001).

Tabela 3 – Atributos físicos de solos coletados em restingas continentais e insulares do Brasil

Atributos do solo (%)	Restingas Continentais			Restingas Insulares		
	RN	RJ	SC	FN	IG	FL
Areia total	98.4 ± 2.4	99.7 ± 0.3	99.5 ± 0.2	98.3 ± 1.8	99.5 ± 0.3	99.8 ± 0.1
Areia grossa	90.4 ± 6.8	93.4 ± 2.7	10.1 ± 1.8	68.0 ± 6.1	38.7 ± 2.7	98.9 ± 1.2
Areia fina	8.0 ± 4.7	6.3 ± 2.5	89.5 ± 1.8	30.3 ± 5.2	60.8 ± 2.5	0.9 ± 1.2
Silte	0.0 ± 00	0.0 ± 00	0.0 ± 00	0.0 ± 00	0.0 ± 00	0.0 ± 00
Argila	1.6 ± 2.4	0.3 ± 0.3	0.5 ± 0.2	1.7 ± 1.8	0.5 ± 0.3	0.2 ± 0.1

Dados apresentados são médias obtidas a partir de oito réplicas. RN: Praia das Minas; RJ: Praia do Grumari; SC: Praia do Paiquerê; FN: Fernando de Noronha; IG: Praia de Lopes Mendes; FL: Praia da Armação. Fonte: A Autora, 2017.

Tabela 4 – Atributos químicos de solos coletados em áreas de restingas continentais e insulares do Brasil

Atributos do solo	Restingas Continentais						Restingas Insulares					
	RN ¹	RN ²	RJ ¹	RJ ²	SC ¹	SC ²	FN ¹	FN ²	IG ¹	IG ²	FL ¹	FL ²
pH (H ₂ O)	6.7 ± 0.7	6.6 ± 0.3	8.5 ± 0.1	8.2 ± 0.1	7.5 ± 0.3	7.7 ± 0.4	8.4 ± 0.2	8.6 ± 0.2	7.9 ± 0.2	7.9 ± 0.4	8.3 ± 0.5	8.0 ± 0.6
Ca ²⁺ (cmol _c dm ⁻³)	0.5 ± 0.5	0.5 ± 0.3	0.7 ± 0.1	0.8 ± 0.0	0.4 ± 0.1	0.5 ± 0.1	3.0 ± 1.7	2.6 ± 1.3	1.4 ± 0.8	0.8 ± 0.1	0.9 ± 0.2	0.9 ± 0.1
Mg ²⁺ (cmol _c dm ⁻³)	0.3 ± 0.0	0.3 ± 0.0	0.3 ± 0.0	0.3 ± 0.0	0.7 ± 0.2	0.3 ± 0.0	1.1 ± 1.5	1.0 ± 1.5	0.3 ± 0.1	0.3 ± 0.0	0.3 ± 0.0	0.3 ± 0.0
K ⁺ (cmol _c dm ⁻³)	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.2 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.1 ± 0.1	0.1 ± 0.1	0.1 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0
Na ⁺ (cmol _c dm ⁻³)	0.7 ± 0.3	0.8 ± 0.4	0.9 ± 0.4	0.7 ± 0.1	0.2 ± 0.0	0.1 ± 0.0	1.0 ± 0.9	0.6 ± 0.4	0.9 ± 0.5	0.3 ± 0.0	0.9 ± 0.2	1.0 ± 0.2
Al ³⁺ (cmol _c dm ⁻³)	0.1 ± 0.1	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.1
H ⁺ (cmol _c dm ⁻³)	0.3 ± 0.2	0.6 ± 0.1	0.5 ± 0.1	0.3 ± 0.1	0.7 ± 0.1	0.1 ± 0.0	0.4 ± 0.1	0.4 ± 0.1	0.5 ± 0.0	0.4 ± 0.1	0.6 ± 0.2	0.6 ± 0.3
P (mg dm ⁻³)	4.0 ± 3.9	2.9 ± 1.0	16.7 ± 2.8	20.8 ± 2.7	8.9 ± 2.9	4.1 ± 0.8	7.0 ± 8.8	3.6 ± 2.5	45.4 ± 9.1	51.4 ± 9.9	14.2 ± 5.3	16.1 ± 7.8
C (%)	0.1 ± 0.1	0.0 ± 0.0	0.01 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.2 ± 0.2	0.3 ± 0.2	0.1 ± 0.2	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
MO (%)	0.1 ± 0.2	0.1 ± 0.1	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.3 ± 0.3	0.5 ± 0.3	0.2 ± 0.3	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0	0.0 ± 0.0
CTC (cmol _c dm ⁻³)	1.9 ± 0.7	2.2 ± 0.4	2.6 ± 0.4	2.1 ± 0.2	2.2 ± 0.2	1.1 ± 0.1	4.4 ± 2.0	3.6 ± 1.4	3.2 ± 0.6	1.9 ± 0.1	2.7 ± 0.3	2.9 ± 0.2
SB (cmol _c dm ⁻³)	1.5 ± 0.7	1.6 ± 0.4	2.0 ± 0.4	1.8 ± 0.1	1.4 ± 0.2	1.0 ± 0.1	4.0 ± 1.9	3.1 ± 1.3	2.6 ± 0.6	1.5 ± 0.1	2.1 ± 0.3	2.2 ± 0.1
Cu (mg dm ⁻³)	0.2 ± 0.1	0.2 ± 0.1	1.3 ± 1.9	0.2 ± 0.1	0.2 ± 0.1	0.1 ± 0.1	0.1 ± 0.0	0.1 ± 0.0	0.3 ± 0.3	0.2 ± 0.0	0.2 ± 0.1	0.2 ± 0.0
Fe (mg dm ⁻³)	61.7 ± 37.9	69.6 ± 39.9	13.7 ± 5.6	25.4 ± 10.8	227.6 ± 101.6	38.1 ± 8.0	2.2 ± 0.5	2.4 ± 1.1	23.9 ± 5.2	39.2 ± 8.2	14.0 ± 3.8	12.0 ± 2.6
Mn (mg dm ⁻³)	5.8 ± 3.2	5.0 ± 1.5	6.7 ± 1.1	6.6 ± 0.9	38.8 ± 4.0	4.0 ± 0.4	8.4 ± 1.4	7.8 ± 1.4	4.6 ± 6.3	1.8 ± 0.2	28.4 ± 4.5	25.9 ± 3.3
Zn (mg dm ⁻³)	2.1 ± 2.2	0.9 ± 0.6	1.5 ± 1.0	1.5 ± 0.4	3.4 ± 1.3	0.7 ± 0.3	0.3 ± 0.1	0.8 ± 1.3	1.1 ± 1.0	1.0 ± 0.1	0.9 ± 0.7	0.6 ± 0.1
V (%)	79.9 ± 11.9	69.4 ± 6.2	78.1 ± 3.7	85.4 ± 3.3	65.9 ± 4.9	85.8 ± 1.1	89.1 ± 5.5	85.6 ± 4.9	82.0 ± 2.9	78.0 ± 3.7	77.8 ± 6.0	76.9 ± 7.4
m (%)	3.2 ± 1.2	3.3 ± 0.9	2.5 ± 0.4	2.7 ± 0.2	3.4 ± 0.4	4.6 ± 0.8	1.6 ± 1.0	1.9 ± 0.9	2.0 ± 0.4	3.3 ± 0.3	2.1 ± 0.7	1.5 ± 0.9

Dados apresentados são médias obtidas a partir de oito réplicas. RN: Praia das Minas beach (RN¹ – período seco, RN² – período chuvoso); FN: Fernando de Noronha (FN¹ – período seco, FN² – período chuvoso); RJ: Praia do Grumari (RJ¹ – inverno, RJ² – verão); IG: Praia Lopes Mendes (IG¹ – inverno, IG² – verão); SC: Praia do Paiquerê (SC¹ – inverno, SC² – verão); FL: Praia da Armação (FL¹ – inverno, FL² – verão). MO: matéria orgânica; CTC: capacidade de troca de cátions; SB: soma de bases trocáveis; V: saturação por bases; m: saturação por alumínio. Fonte: A Autora, 2017.

2.1.2 Riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

Cinquenta e um táxons de FMA pertencentes a 18 gêneros foram identificados a partir de amostras coletadas diretamente do campo: *Acaulospora* (10 táxons), *Ambispora* (2), *Cetraspora* (4), *Claroideoglossum* (1), *Corymbiglossum* (1), *Dentiscutata* (2), *Diversispora* (1), *Entrophospora* (1), *Funneliformis* (2), *Fuscutata* (1), *Gigaspora* (3), *Glomus* (9), *Intraornatospora* (1), *Racocetra* (3), *Rhizoglossum* (4), *Sclerocystis* (1), *Scutellospora* (3) e *Septoglossum* (2) (Tabela 5). As curvas de acumulação de espécies de FMA não atingiram o ponto de saturação considerando amostras coletadas em áreas continentais e insulares (Figura 12) e em cada local, mas foi possível recuperar 70% da riqueza esperada para as áreas continentais e insulares, com base no estimador Jackknife de primeira ordem, enquanto para os locais foi possível recuperar mais de 50% da riqueza estimada, exceto para RN.

Vinte e oito táxons de FMA, pertencentes a 14 gêneros foram recuperados a partir das culturas armadilha: *Acaulospora* (6 táxons), *Cetraspora* (4), *Claroideoglossum* (1), *Corymbiglossum* (1), *Dentiscutata* (2), *Diversispora* (1), *Fuscutata* (1), *Gigaspora* (1), *Glomus* (5), *Paradentiscutata* (1), *Racocetra* (2), *Rhizoglossum* (1), *Scutellospora* (1) e *Septoglossum* (1) (Tabela 5). A riqueza de táxons variou de 0 a 8 espécies de FMA por amostra e não houve diferença estatística entre ambientes (continente e ilha) ou locais (RN, FN, RJ, IG, SC e FL). Foi possível representar 69% e 77% da riqueza de espécies de FMA esperada para continente e ilha, respectivamente, e mais que 50% da riqueza esperada para os locais (Figura 13).

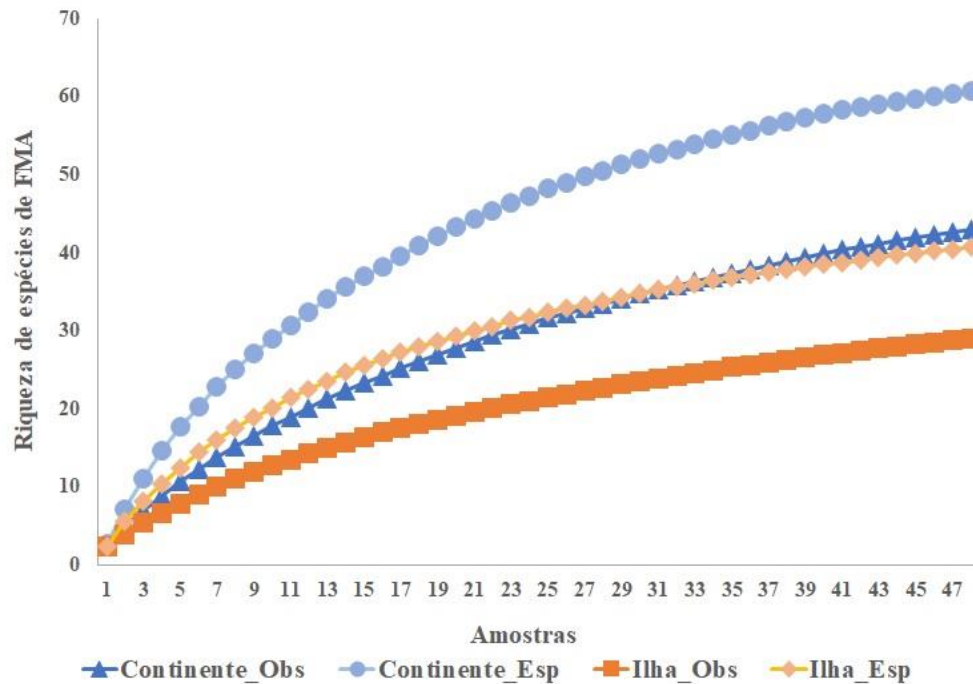
Aproximadamente 50% dos táxons de FMA foram compartilhados em amostras de solo do campo e de culturas. Apenas dois (<4%) foram exclusivos das culturas (*Glomus microcarpum* e *Paradentiscutata maritima*), enquanto 47% das espécies de FMA ocorreram apenas nas amostras de solo coletadas diretamente no campo (Figura 14). Embora nas amostras de campo tenha ocorrido parte significativa da riqueza total registrada, com os dados de cultivo foi possível registrar *Acaulospora herrerae* e *Cetraspora* sp. 1 na praia das Minas (RN), *Gigaspora margarita* na praia do Grumari (RJ), *Cetraspora* sp.2 e *Racocetra gregaria* na praia Lopes Mendes (IG), *Acaulospora* sp.1, *Fuscutata rubra*, *Glomus macrocarpum*, *Racocetra coralloidea* e *Scutellospora* sp.1 na praia do Paiquerê (SC), *A. mellea* na praia da Armação (FL), *Claroideoglossum etunicatum* em SC e FL, *Corymbiglossum globiferum* em Fernando de Noronha (FN) e em RJ e *Septoglossum constrictum* em RN e RJ.

Continuação Tabela 5

Espécies de FMA	Campo						Culturas					
	RN	FN	RJ	IG	SC	FL	RN	FN	RJ	IG	SC	FL
<i>Scutellospora</i> sp.1	1.35	0.00	3.45	0.61	0.00	0.00	0.00	0.00	1.37	0.00	2.61	0.00
<i>Scutellospora</i> sp.2	2.70	0.00	0.00	0.30	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Septoglomus constrictum</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	4.00	0.00	91.28	0.00	73.97	0.00	0.00	0.00
<i>Septoglomus</i> sp.	0.00	0.00	0.00	50.00	1.60	50.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

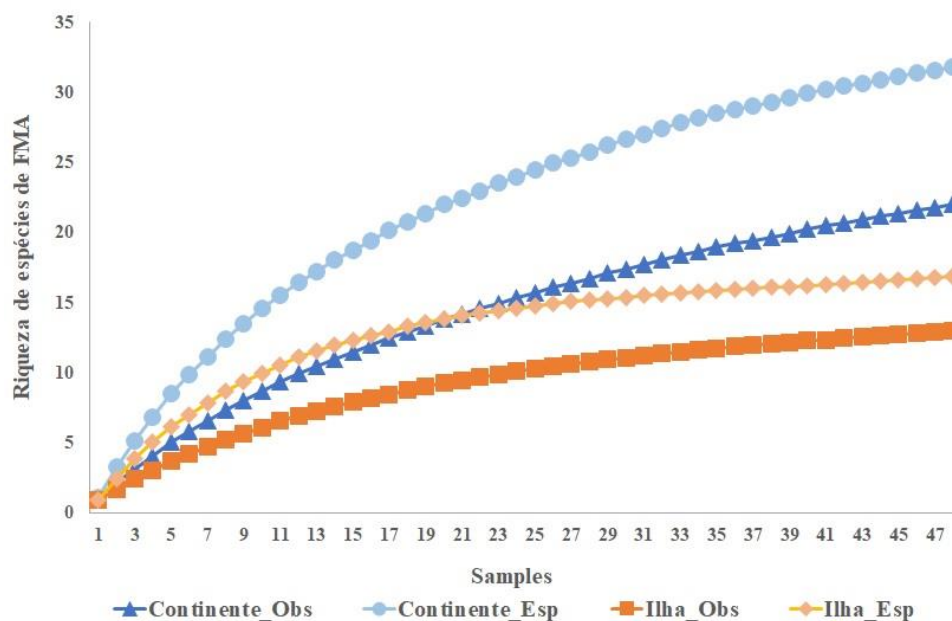
RN – Praia das Minas, FN – Fernando de Noronha, RJ – Praia do Grumari, IG – Praia Lopes Mendes, SC – Praia do Paiquerê e FL – Praia da Armação. Fonte: A Autora, 2017.

Figura 12 – Curvas de acumulação de espécies com base em amostras de campo comparando a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) observada (Obs) e esperada (Esp) para continente e ilha



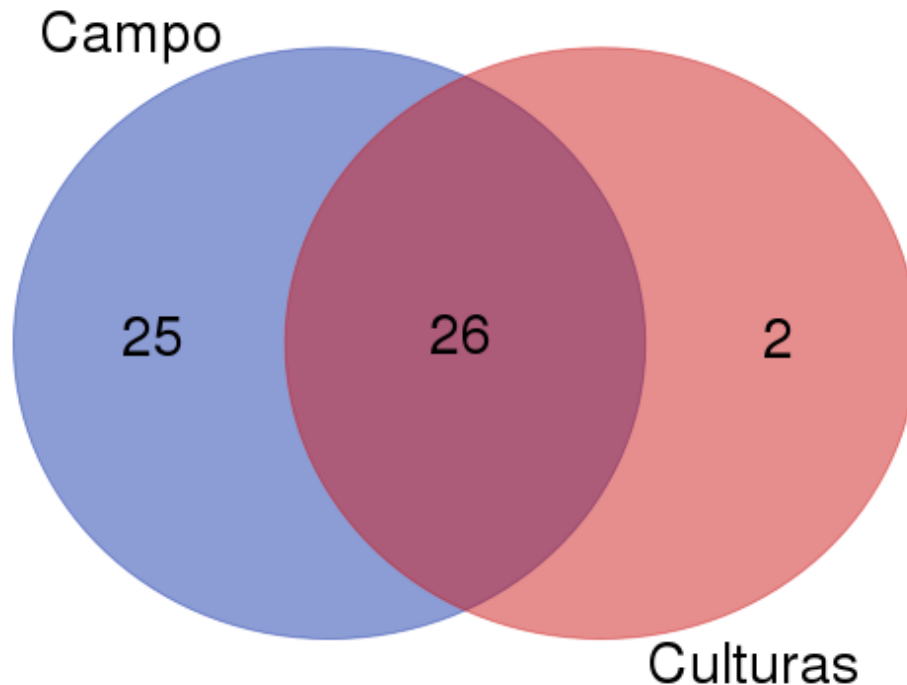
Fonte: A Autora, 2017.

Figura 13 – Curvas de acumulação de espécies com base em amostras de culturas armadilha comparando a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) observada (Obs) e esperada (Esp) para continente e ilha



Fonte: A Autora, 2017.

Figura 14 – Diagrama de Venn mostrando a riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) identificada a partir de amostras coletadas diretamente no campo e de culturas armadilha



Fonte: A Autora, 2017.

2.1.3 Riqueza total de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

A partir de amostras de culturas armadilha e de campo foram identificados 53 táxons de FMA pertencentes a 19 gêneros de Glomeromycota: *Acaulospora* (10), *Ambispora* (2), *Cetraspora* (4), *Claroideoglomus* (1), *Corymbiglomus* (1), *Dentiscutata* (2), *Diversispora* (1), *Entrophospora* (1), *Funneliformis* (2), *Fuscutata* (1), *Gigaspora* (3), *Glomus* (10), *Intraornatospora* (1), *Paradentiscutata* (1), *Racocetra* (3), *Rhizoglomus* (4), *Sclerocystis* (1), *Scutellospora* (3) e *Septoglomus* (2) (Tabela 6). Considerando a riqueza de táxons por ordens, Glomerales (21 táxons) e Gigasporales (18) se destacaram. Representantes da ordem Paraglomerales não foram identificados nas áreas de estudo.

Em amostras coletadas em Fernando de Noronha (FN) e na praia do Grumari (RJ) não se identificou espécies de Archaeosporales, enquanto na praia da Armação (FL) não foram recuperados esporos de Diversisporales e Gigasporales (Figura 15a). Na maioria dos locais estudados, esporos de Gigasporales foram predominantes, exceto na praia Lopes Mendes (IG) e na praia da Armação (FL) (Figura 15b).

As curvas de acumulação de táxons para continente e ilha a partir de dados de campo e de culturas não atingiram ponto de estabilização (Figura 16), mas foi possível recuperar 70% da riqueza de espécies de FMA esperada para os ambientes com base no estimador Jackknife de primeira ordem. Com base no estimador Jackknife é esperado que as áreas continentais abriguem o dobro da riqueza de FMA observada nas áreas insulares.

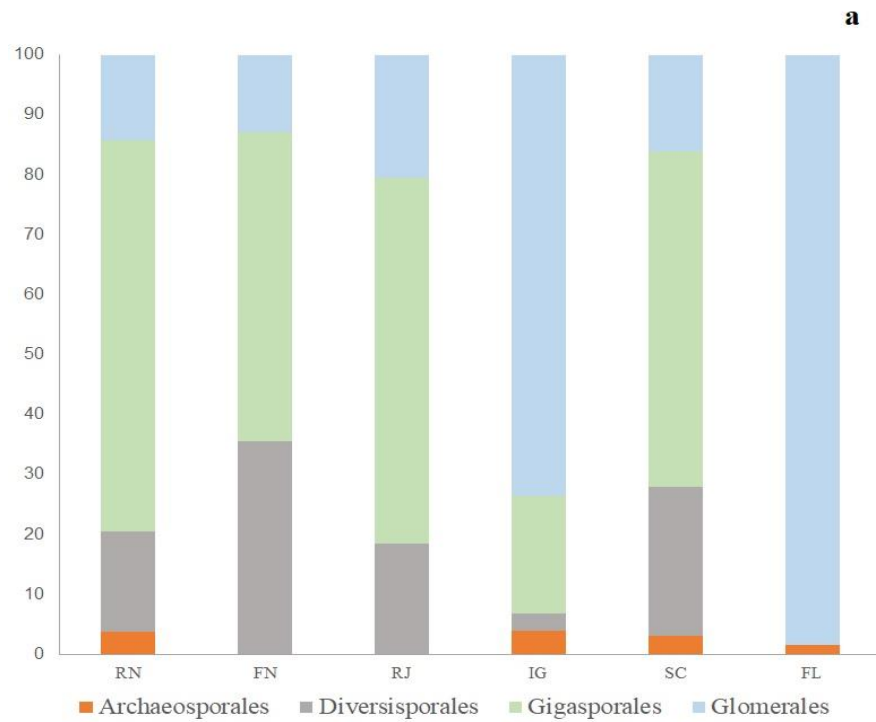
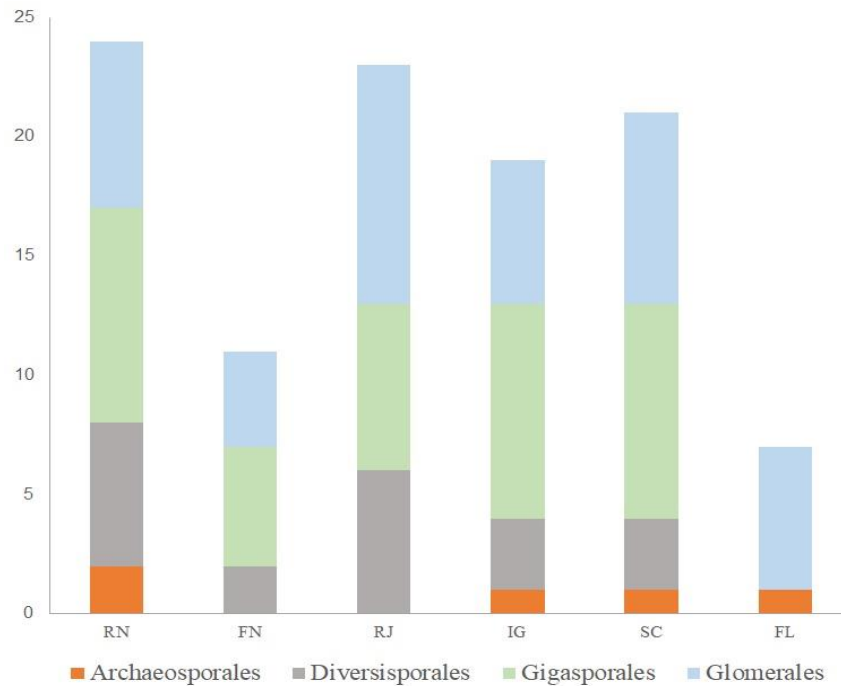
De modo geral, a riqueza de espécies de FMA variou de uma a 13 espécies de FMA por amostras e de quatro a nove táxons por habitat (Tabela 6) e não diferiu estatisticamente entre as restingas continentais e insulares do Brasil, períodos de coleta, espécies vegetais ou locais e também não houve diferença na diversidade entre os ambientes (Tabela 7). Entre as 53 espécies de FMA identificadas, 44 (83%) ocorreram em áreas continentais e 33 (62%) em áreas insulares. Vinte e quatro espécies ocorreram nos dois tipos de ambientes (45%), enquanto 20 táxons foram exclusivos das áreas continentais e apenas nove das áreas insulares (Figura 17).

Continuação Tabela 6

FMA	Restingas Continentais												Restingas Insulares											
	RN	RN	RN	RN	RJ	RJ	RJ	RJ	SC	SC	SC	SC	FN	FN	FN	FN	IG	IG	IG	IG	FL	FL	FL	FL
	Ip1	Ip2	Po1	Po2	Ip1	Ip2	Po1	Po2	Ip1	Ip2	Po1	Po2	Ip1	Ip2	Po1	Po2	Ip1	Ip2	Po1	Po2	Ip1	Ip2	Po1	Po2
<i>Funneliformis geosporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. mossea</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glomus ambisporum</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gl. brohultii</i>	0	0	0	0	24	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	7	34	44	19	29	
<i>Gl. glomerulatum</i>	0	8	0	0	0	0	0	0	0	1	6	0	0	0	0	0	0	0	0	13	0	10	13	
<i>Gl. macrocarpum</i>	0	0	0	2	5	0	3	17	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Gl. microcarpum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glomus</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glomus</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	6	4	0
<i>Glomus</i> sp.3	3	0	0	0	3	0	0	0	0	4	13	6	0	2	6	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glomus</i> sp.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glomus</i> sp.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rhizoglomus clarum</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	31	5	3	0	13	0
<i>Rh. intraradices</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	7	0	0	0	0	0
<i>Rh. natalensis</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	5	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rhizoglomus</i> sp.	0	0	0	0	6	0	10	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sclerocystis sinuosa</i>	0	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Septoglomus constrictum</i>	8	0	2	49	0	0	0	24	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Septoglomus</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	50	50	50	50	50	50	50	50

O número 1 representa a primeira coleta e o número 2 a segunda coleta. RN – praia das Minas, FN – Fernando de Noronha, RJ – praia do Grumari, IG – praia Lopes Mendes, SC – praia do Paiquerê e FL – praia da Armação. Fonte: A Autora, 2017.

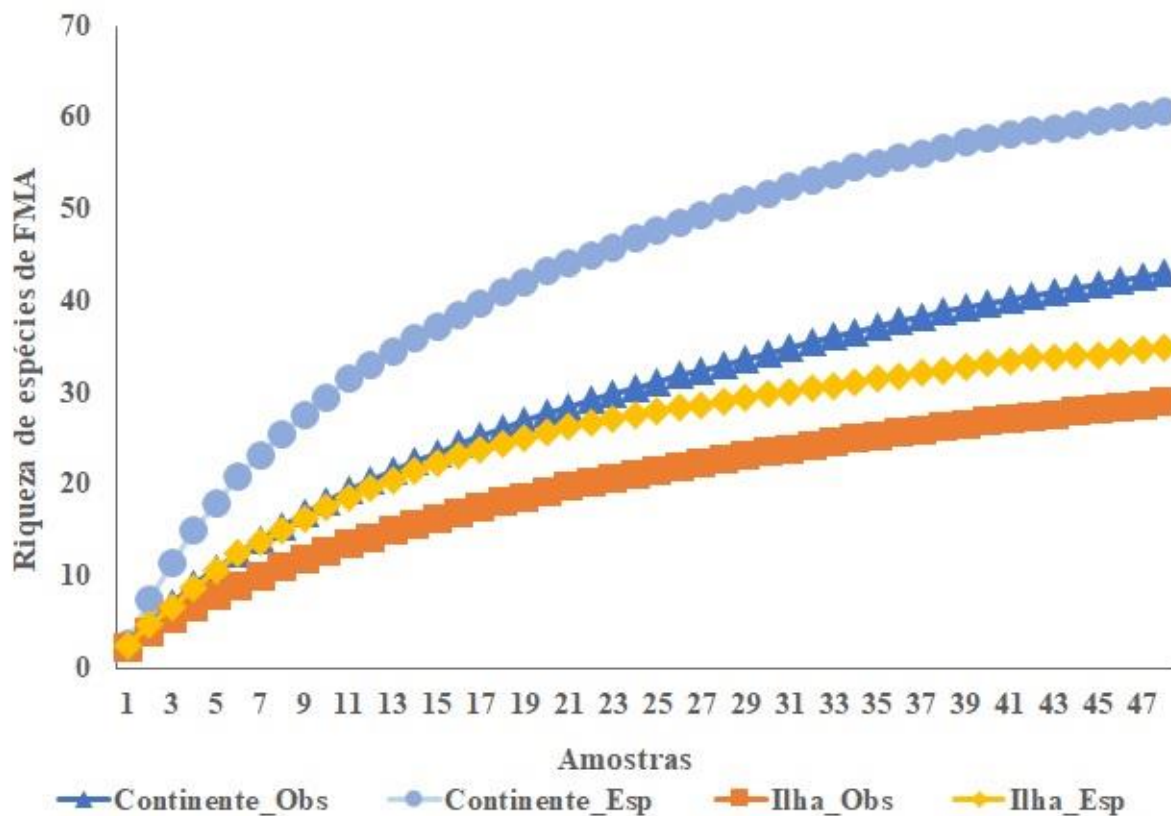
Figura 15 – Riqueza de táxons (a) e abundância de glomerosporos (b) por ordem de Glomeromycota em cada local estudado (RN – praia das Minas, FN – Fernando de Noronha, RJ – praia do Grumari, IG – praia Lopes Mendes, SC – praia do Paiquerê e FL – praia da Armação)



b

Fonte: A Autora, 2017.

Figura 16 – Curvas de acumulação de espécies comparando a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) observada (Obs) e esperada (Esp) para continente e ilha considerando dados de campo e de culturas armadilha



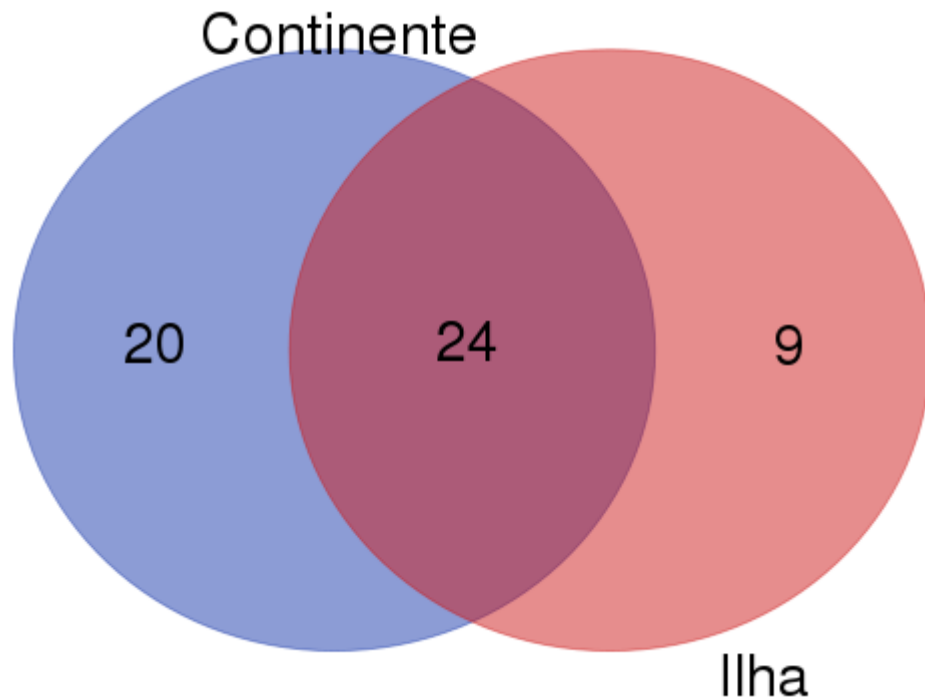
Fonte: A Autora, 2017.

Tabela 7 – Riqueza (S) e diversidade (H') de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) por ambientes e locais

	S	H'
Ambientes		
Continente	3.69 ± 2.6 a	1.62 ± 1.1 a
Ilha	3.27 ± 1.8 a	1.47 ± 0.3 a
Locais		
RN	3.19 ± 1.6 a	1.47 ± 0.3 a
FN	2.62 ± 1.7 a	1.31 ± 0.3 a
RJ	3.25 ± 2.0 a	4.86 ± 2.0 a
IG	4.44 ± 2.0 a	1.62 ± 0.2 a
SC	4.62 ± 3.7 a	1.67 ± 0.4 a
FL	2.75 ± 0.8 a	1.48 ± 0.1 a

RN – Praia das Minas, FN – Fernando de Noronha, RJ – Praia do Grumari, IG – Praia Lopes Mendes, SC – Praia do Paiquerê e FL – Praia da Armação. Fonte: A Autora, 2017.

Figura 17 – Diagrama de Venn mostrando a riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) identificada em amostras coletadas no continente e em áreas insulares

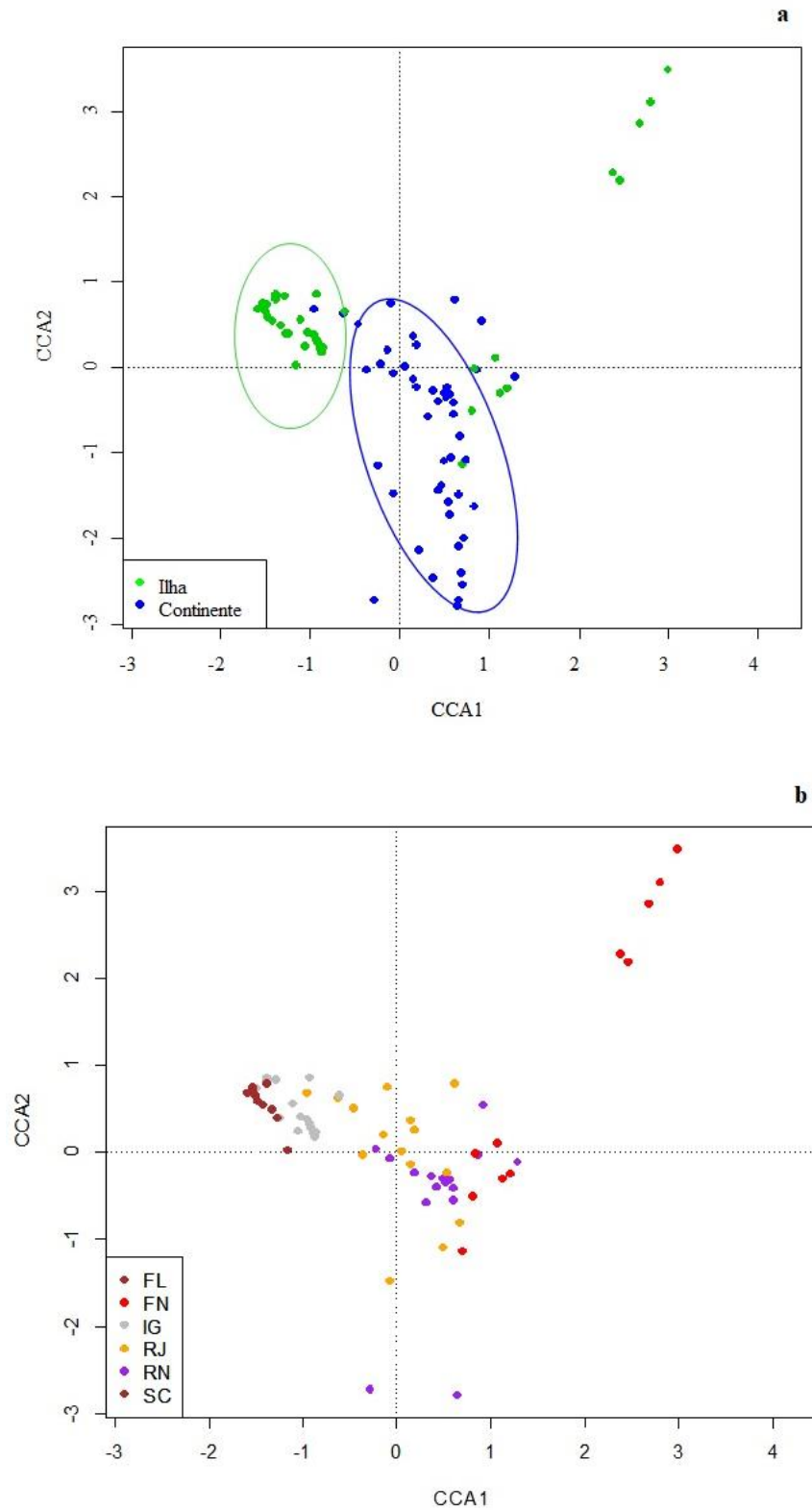


Fonte: A Autora, 2017.

2.1.4 Composição das comunidades de FMA

Restingas continentais e insulares do Brasil abrigaram diferentes comunidades de FMA (adonis $R^2 = 0.130$, $P < 0.01$) e as comunidades também diferiram entre locais (adonis $R^2 = 0.367$, $P < 0.01$), exceto as comunidades de FMA identificadas das amostras coletadas na praia das Minas (RN) e na praia do Grumari (RJ), bem como as comunidades de FMA em Fernando de Noronha (FN) e na praia do Grumari (RJ) (Figura 18). Os principais fatores estruturadores das comunidades de FMA foram três atributos químicos do solo (conteúdo de fósforo, sódio e de H^+), três atributos físicos (areia grossa, areia fina e argila), dois fatores espaciais (longitude e altitude) e dois fatores climáticos (temperaturas mínima e máxima).

Figura 18 – Análises de correspondência canônica de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA): (a) comparando continente e ilha, (b) comparando as comunidades de FMA registradas em cada local e (c) mostrando os principais fatores relacionados a estruturação de comunidades de FMA em restingas continentais e insulares do Brasil



2.2 COMUNIDADES DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES (FMA) AO LONGO DE UM GRADIENTE LATITUDINAL EM DUNAS E RESTINGAS DO BRASIL: UMA ABORDAGEM REGIONAL

Os resultados deste tópico foram obtidos considerando amostras coletadas ao longo de áreas costeiras continentais do Brasil (Mataraca representada como PB, praia das Minas - RN, praia do Abaís - SE, praia do Grumari - RJ e praia do Paiquerê - SC), três grupos vegetais (Convolvulaceae, Fabaceae e Poaceae) e utilizando taxonomia morfológica e molecular para determinação das comunidades de FMA.

2.2.1 Atributos do solo

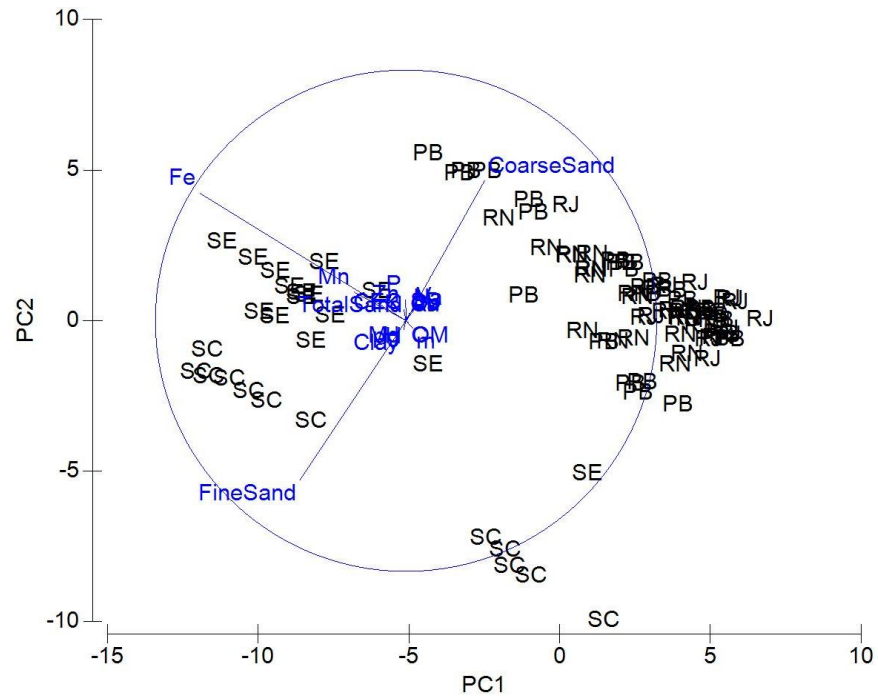
As áreas apresentaram solos arenosos com predominância de areia grossa em PB, RN e RJ; enquanto em SC houve predominância de areia fina (Tabela 8). O pH do solo varia de 6,5 a 8,4 e os teores de matéria orgânica, de fosforo, potássio e magnésio foram baixos (Tabela 9). A interação entre os fatores locais (RN, PB, SE, RJ e SC) e períodos de amostragem (seco e chuvoso) influenciaram significativamente os atributos químicos do solo, exceto Zn e Al que não diferiram entre locais e períodos (Tabela 9). Em geral, a composição do solo diferiu entre todos os locais (adonis $R^2 = 0.714$, $P < 0.01$) e também entre as regiões (adonis $R^2 = 0.369$, $P < 0.01$). A análise de componentes principais (PCA) indicou uma separação dos locais com base nos atributos edáficos e os três principais parâmetros do solo que influenciaram a diferenciação das áreas foram: o teor de ferro, associado a SE, os teores de areia grossa, relacionados a PB, RN e RJ e de areia fina, relacionada a SC (Figura 19).

Tabela 8 – Atributos físicos de solos coletados em dunas e restingas ao longo da costa litorânea do Brasil (RN, PB e SE na região Nordeste, RJ no Sudeste e SC no Sul)

Atributos do solo	RN	PB	SE	RJ	SC
Areia Total (%)	98,8 ± 2,0a	99,8 ± 0,2a	99,4 ± 0,2a	99,7 ± 0,2a	99,5 ± 0,2a
Areia Grossa (%)	91,3 ± 5,8a	92,8 ± 7,7a	42,8 ± 8,0b	94,9 ± 3,2a	10,0 ± 1,8c
Areia Fina (%)	7,4 ± 4,2c	7,0 ± 7,6c	56,6 ± 8,0b	4,8 ± 3,0c	89,5 ± 1,8a
Silte (%)	0,0 ± 0,0a	0,0 ± 0,0a	0,0 ± 0,0a	0,0 ± 0,0a	0,0 ± 0,0a
Argila (%)	1,2 ± 2,0a	0,2 ± 0,2a	0,6 ± 0,2a	0,3 ± 0,2a	0,5 ± 0,2a

Dados apresentados são médias obtidas a partir de oito (SE e SC) e doze (RN, PB e RJ) réplicas. Diferenças significativas (P) foram determinadas usando ANOVA e teste de Tukey ($*P < 0,001$). Fonte: A Autora, 2017.

Figura 19 – Combinação dos atributos edáficos do solo ao longo das áreas amostradas mostrando a influência dos dos teores de ferro (Fe), areia grossa (CoarseSand) e areia fina (FineSand) para separação das áreas (Paraíba - PB, Rio Grande do Norte - RN, Rio de Janeiro - RJ, Sergipe - SE e Santa Catarina - SC) com base em PCA



Fonte: A Autora, 2017.

Tabela 9 – Atributos químicos de solos coletados em dunas e restingas ao longo da costa litorânea do Brasil

Atributos do solo	RN-1	RN-2	PB-1	PB-2	SE-1	SE-2	RJ-1	RJ-2	SC-1	SC-2
pH (H ₂ O)	6.6 ± 0.7c	6.5 ± 0.3c	7.0 ± 0.5c	6.8 ± 0.8c	7.8 ± 0.4b	7.2 ± 0.7b	8.1 ± 0.2a	8.4 ± 0.2a	7.7 ± 0.4b	7.5 ± 0.3b
Ca (cmolc dm ⁻³)	0.5 ± 0.4b	0.5 ± 0.3b	0.5 ± 0.2b	0.4 ± 0.2b	0.5 ± 0.1b	0.6 ± 0.1b	0.9 ± 0.2a	0.8 ± 0.1a	0.5 ± 0.1b	0.4 ± 0.1b
Mg (cmolc dm ⁻³)	0.3 ± 0.0b	0.3 ± 0.0b	0.4 ± 0.2b	0.3 ± 0.1b	0.3 ± 0.0b	0.3 ± 0.0b	0.3 ± 0.0b	0.3 ± 0.0b	0.3 ± 0.0b	0.7 ± 0.2a
K (cmolc dm ⁻³)	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.1 ± 0.1a	0.0 ± 0.0b	0.1 ± 0.0a	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.04 ± 0.0ab	0.0 ± 0.0b	0.2 ± 0.0a
Na (cmolc dm ⁻³)	0.6 ± 0.3ab	0.6 ± 0.4ab	0.2 ± 0.2c	0.4 ± 0.2b	0.7 ± 0.3a	0.2 ± 0.0c	0.8 ± 0.2a	0.8 ± 0.4a	0.1 ± 0.0c	0.2 ± 0.0c
CTC (cmolc dm ⁻³)	1.8 ± 0.6b	2.2 ± 0.4a	1.4 ± 0.4b	2.0 ± 0.2a	2.0 ± 0.4a	2.0 ± 0.1a	2.3 ± 0.3a	2.5 ± 0.5a	1.1 ± 0.1c	2.2 ± 0.2a
SB (cmolc dm ⁻³)	1.4 ± 0.6ab	1.4 ± 0.4ab	1.2 ± 0.4b	1.2 ± 0.3b	1.6 ± 0.4ab	1.0 ± 0.1b	2.0 ± 0.3a	2.0 ± 0.5a	1.0 ± 0.0b	1.4 ± 0.2ab
P (mg dm ⁻³)	3.7 ± 3.4c	3.0 ± 1.0c	9.2 ± 5.8b	3.3 ± 3.2c	5.6 ± 0.7bc	6.9 ± 1.0b	21.3 ± 4.3a	16.4 ± 2.4ab	4.1 ± 0.8bc	8.9 ± 2.8b
Fe (mg dm ⁻³)	58.5 ± 34.7b	55.5 ± 38.1b	75.7 ± 64.6b	41.8 ± 26.5b	224.7 ± 109.8a	274.1 ± 30.4a	23.6 ± 11.3b	24.8 ± 30.2b	38.1 ± 8.0b	227.6 ± 101.6b
Cu (mg dm ⁻³)	0.2 ± 0.1a	0.2 ± 0.1a	0.1 ± 0.1ab	0.2 ± 0.4ab	0.0 ± 0.1b	0.1 ± 0.0b	0.1 ± 0.1a	0.8 ± 1.6a	0.0 ± 0.0ab	0.2 ± 0.1ab
Mn (mg dm ⁻³)	5.4 ± 2.8c	4.6 ± 1.5c	32.4 ± 34.1b	3.7 ± 1.2c	19.7 ± 2.1b	17.1 ± 1.8b	6.5 ± 0.8bc	6.2 ± 1.2bc	4.0 ± 0.4c	38.8 ± 4.0a
Zn (mg dm ⁻³)	3.3 ± 3.3a	0.9 ± 0.6a	3.5 ± 5.0a	3.3 ± 9.3a	1.4 ± 0.3a	1.0 ± 0.2a	1.45 ± 0.8a	2.4 ± 3.1a	0.7 ± 0.3a	3.4 ± 1.2a
Al (cmolc dm ⁻³)	0.1 ± 0.04a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a	0.1 ± 0.0a
H (cmolc dm ⁻³)	0.3 ± 0.2b	0.7 ± 0.1a	0.2 ± 0.2b	0.7 ± 0.2a	0.4 ± 0.1b	1.0 ± 0.0a	0.2 ± 0.1b	0.5 ± 0.1b	0.1 ± 0.0c	0.7 ± 0.1a
m (cmolc dm ⁻³)	3.5 ± 1.2ab	3.6 ± 0.9ab	4.4 ± 1.6a	4.2 ± 0.9a	3.2 ± 0.7ab	1.0 ± 0.1c	2.5 ± 0.4b	2.6 ± 0.6b	4.6 ± 0.8a	3.4 ± 0.4ab
C (%)	0.0 ± 0.1a	0.1 ± 0.1a	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b
MO (%)	0.1 ± 0.1a	0.1 ± 0.1a	0.0 ± 0.1a	0.1 ± 0.1a	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b	0.0 ± 0.0b
V (%)	78.7 ± 11.2a	66.2 ± 7.6b	83.0 ± 15.2a	60.2 ± 9.8b	77.9 ± 5.0a	52.1 ± 3.0c	87.7 ± 4.3a	76.8 ± 4.2a	85.8 ± 1.1a	65.9 ± 4.9b

Paraíba - PB, Rio Grande do Norte - RN, Rio de Janeiro - RJ, Sergipe - SE e Santa Catarina - SC. Dados apresentados são médias obtidas a partir de oito (SE e SC) e doze (RN, PB e RJ) réplicas. Os números representam a primeira e segunda coleta em cada local. CTC: capacidade de troca de cátions, SB: soma de bases trocáveis; m: saturação por alumínio, MO: matéria orgânica; V: saturação por bases. Fonte: A Autora, 2017.

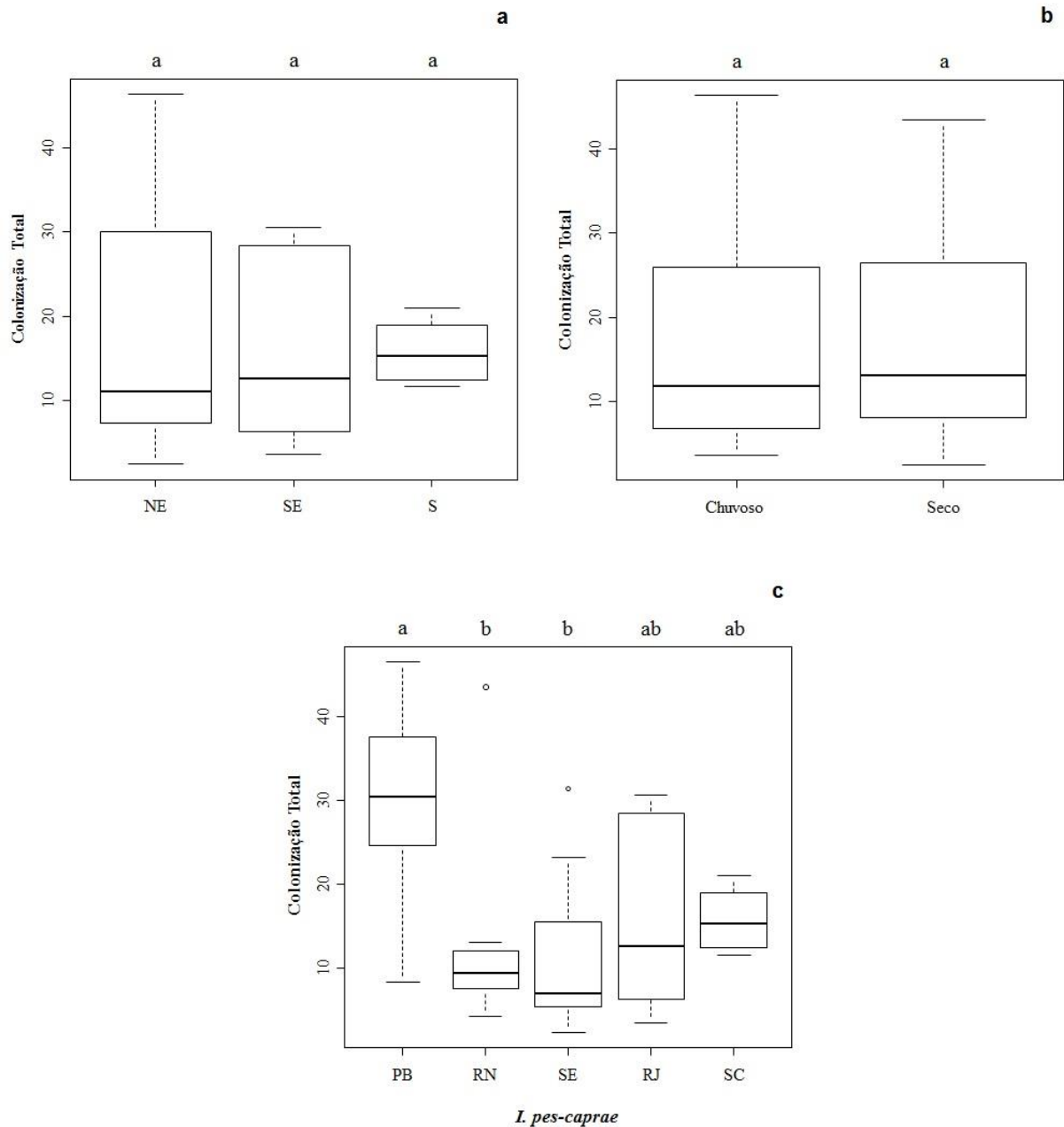
2.2.2 Colonização radicular por fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

A taxa de colonização micorrízica total, considerando arbúsculos, vesículas, hifas e esporos variou de 2% a 46% para *I. pes-caprae* e houve diferença significativa apenas entre locais ($F=7,4$; $P<0,05$) com PB diferindo de RN e SE (Figura 20). A colonização arbuscular em raízes de *Ipomoea pes-caprae* variou de 0 a 15%, com maiores valores registrados para o período chuvoso ($F=12,5$; $P<0,05$) e não houve diferença entre regiões e locais (Figura 21). A taxa de colonização por vesículas variou de 0 a 10%, com raízes coletadas na região Sul apresentando os maiores valores ($F=5,4$; $P<0,05$) (Figura 22). A porcentagem de hifas intrarradicaais variou de 1% a 38% e a taxa de colonização em raízes da PB diferiu da registrada para RN, SE e SC ($F=8,2$; $P<0,05$) (Figura 23). A porcentagem de esporos intrarradicaais variou de 0 a 10 e os valores registrados para PB diferiram dos observados para RN e SE (Figura 24).

A colonização micorrízica total variou de 2% a 72% e a arbuscular variou de 0 a 7% em raízes de *C. rosea* (Figura 25, 26). A colonização por vesículas variou de 0 a 22% com maior taxa registrada para as raízes coletadas no período chuvoso ($F=5,0$; $P<0,05$) (Figura 27). A porcentagem de colonização por hifas nas raízes variou de 2 a 47 (Figura 28), enquanto a de esporos variou de 0 a 9 (Figura 29). Não houve diferença entre locais e períodos para a colonização micorrízica total, arbuscular, porcentagem de hifas e esporos intrarradicaais.

Para raízes das espécies de Poaceae, a colonização total variou de 0 a 98%, com maior taxa registrada para as raízes amostradas nas regiões Sudeste e Sul ($F=4,5$; $P<0,05$) (Figura 30). A taxa de colonização arbuscular variou de 0 a 19%, com maiores valores registrados para as raízes coletadas na região Sudeste ($F=6,5$; $P<0,05$) (Figura 31). A colonização por vesículas variou de 0 a 30% (Figura 32) e a porcentagem de esporos intrarradicaais variou de 0 a 9 (Figura 33), sem diferença entre regiões, períodos ou locais. A taxa de colonização por hifas oscilou de 0 a 46%, com maior colonização registrada nas raízes coletadas na estação seca ($F=10,6$; $P<0,05$) (Figura 34).

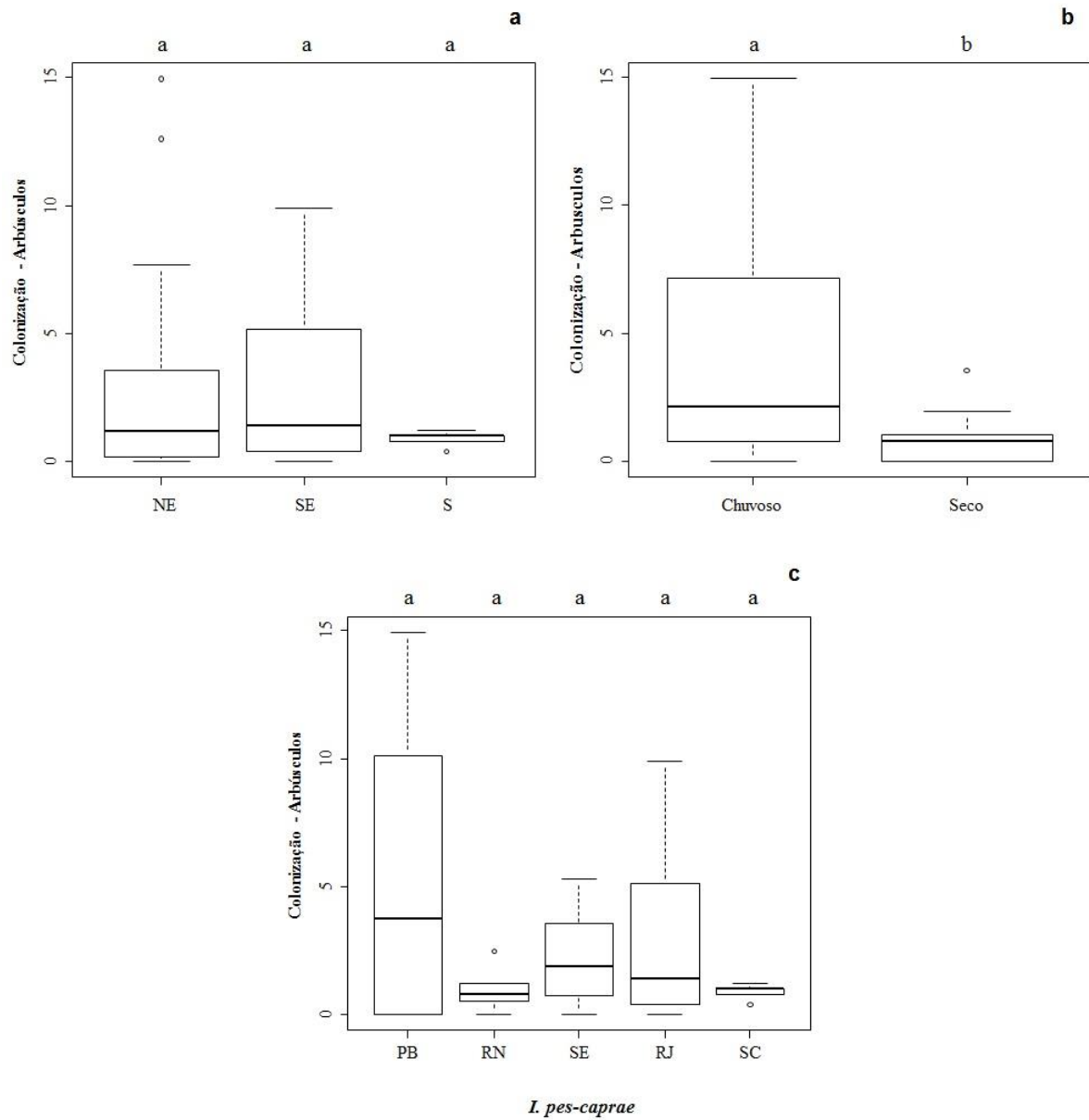
Figura 20 – Colonização total por fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Ipomoea pes-caprae* coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

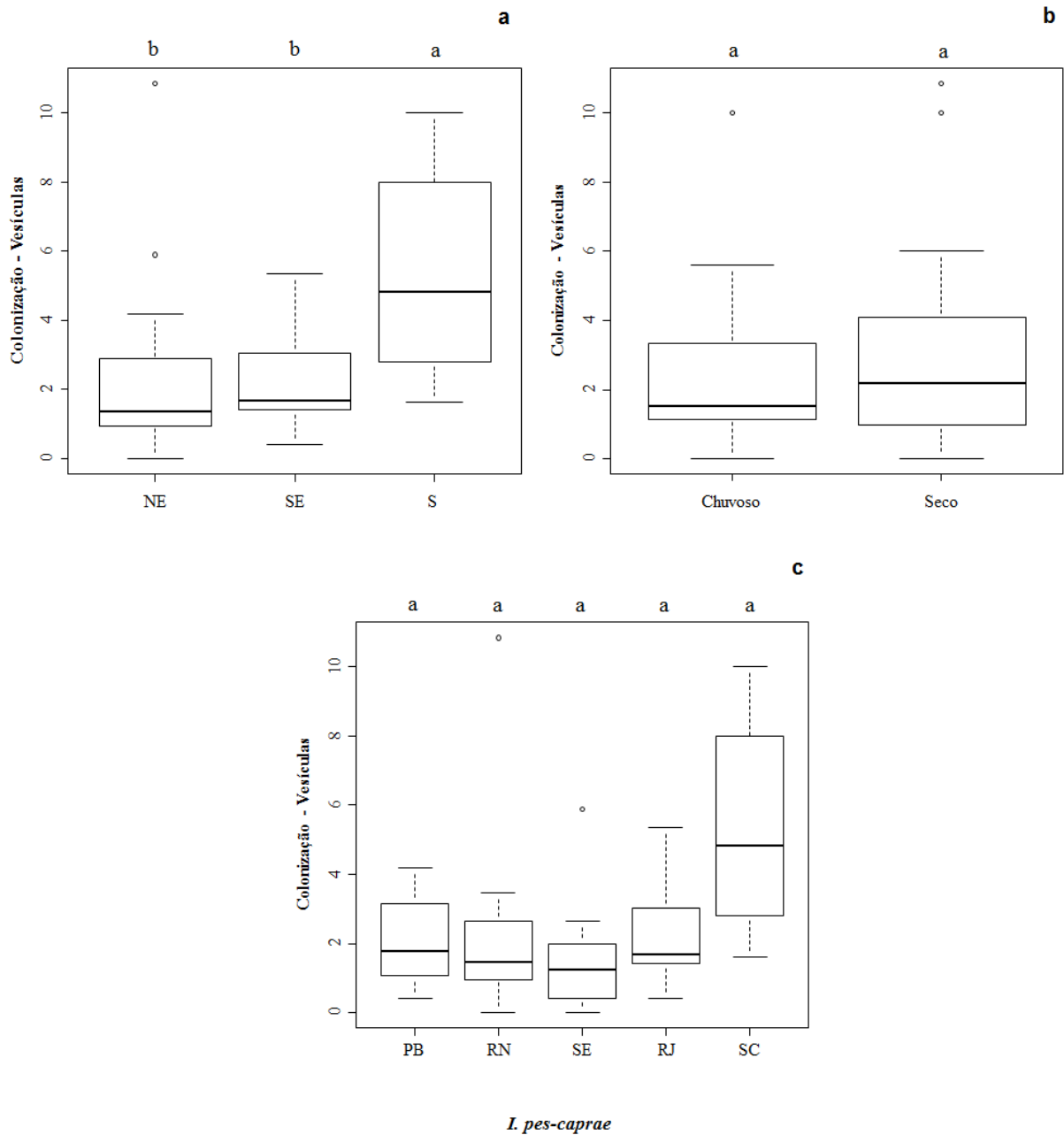
Figura 21 – Colonização arbuscular em raízes de *Ipomoea pes-caprae* coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

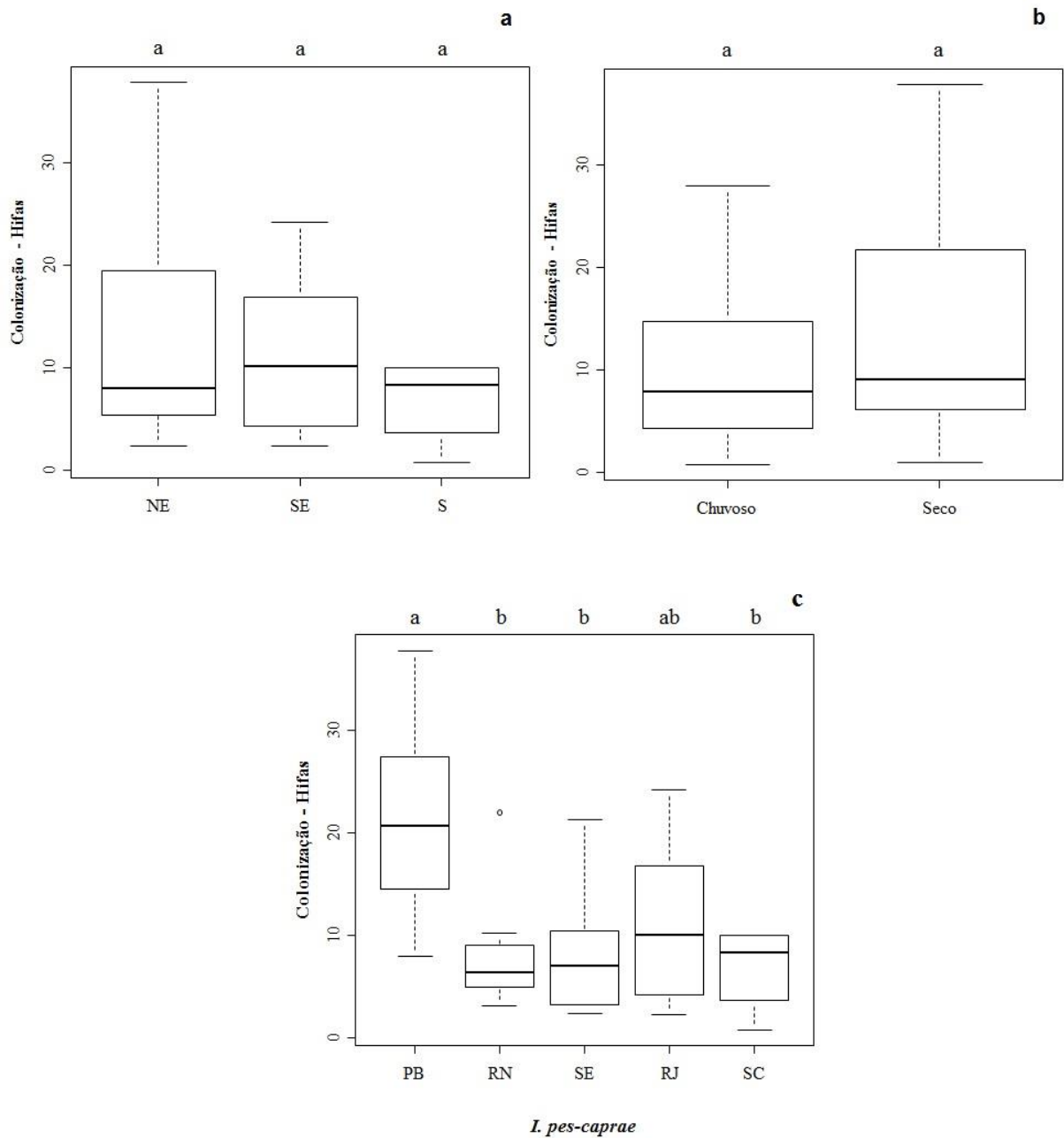
Figura 22 – Colonização por vesículas em raízes de *Ipomoea pes-caprae* coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

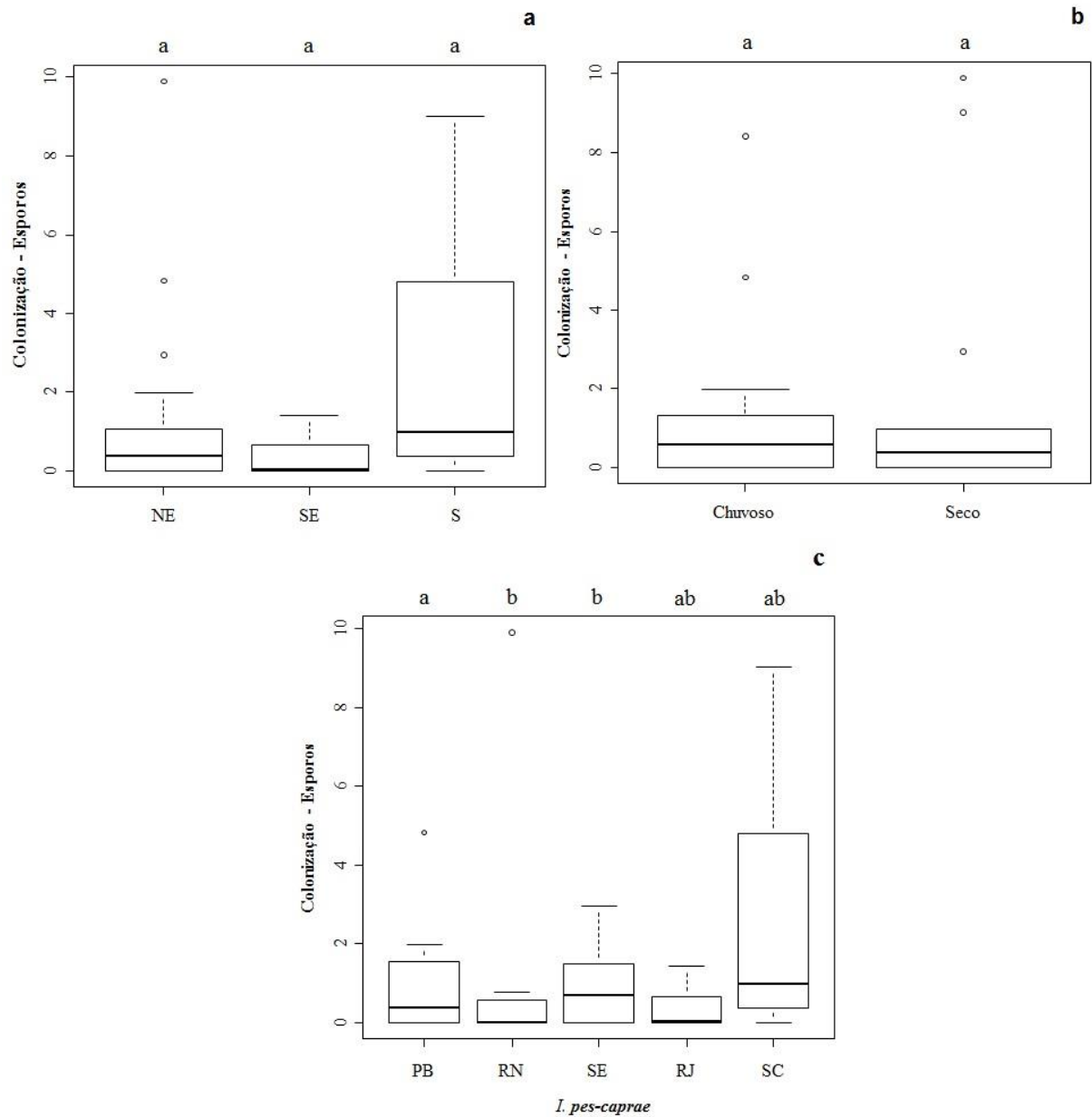
Fonte: A Autora, 2017.

Figura 23 – Colonização por hifas em raízes de *Ipomoea pes-caprae* coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).
 Fonte: A Autora, 2017.

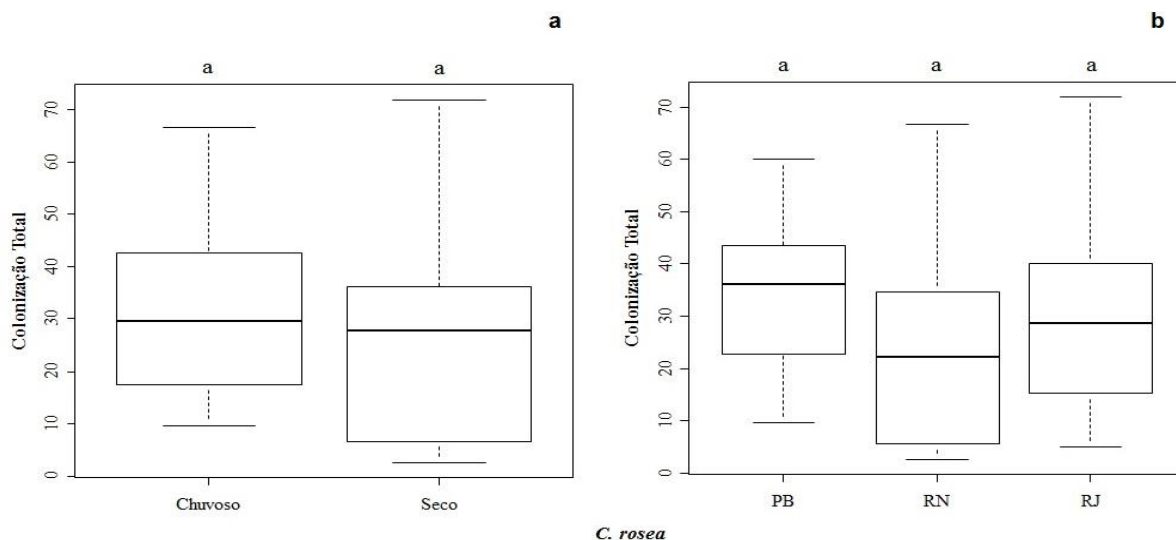
Figura 24 – Esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Ipomoea pes-caprae* coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

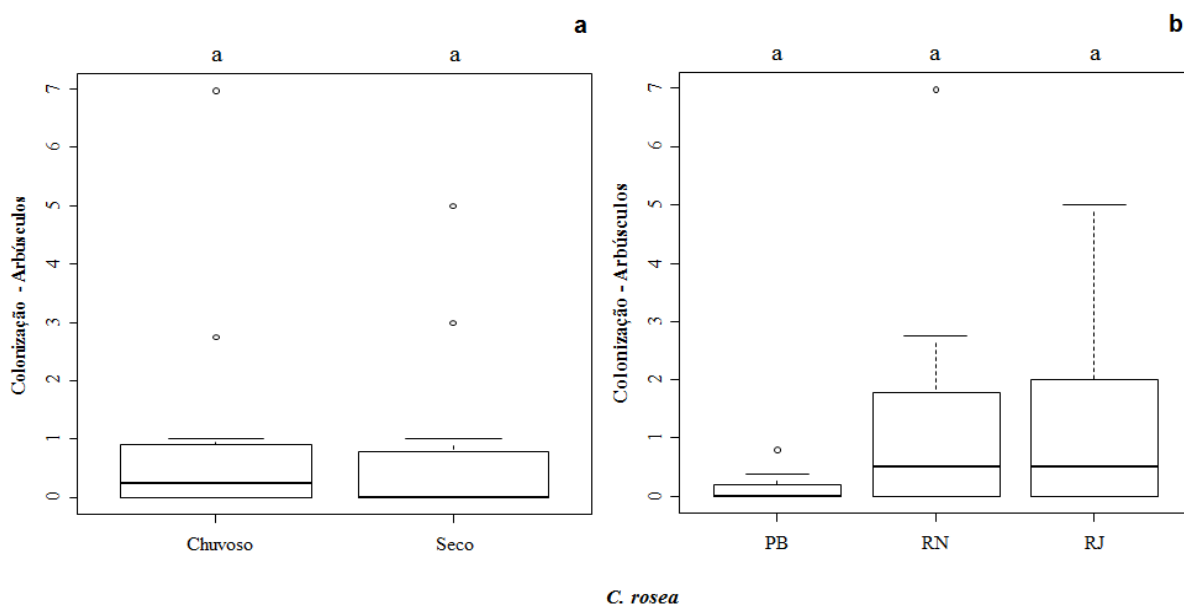
Figura 25 – Colonização total por fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Canavalia rosea* coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

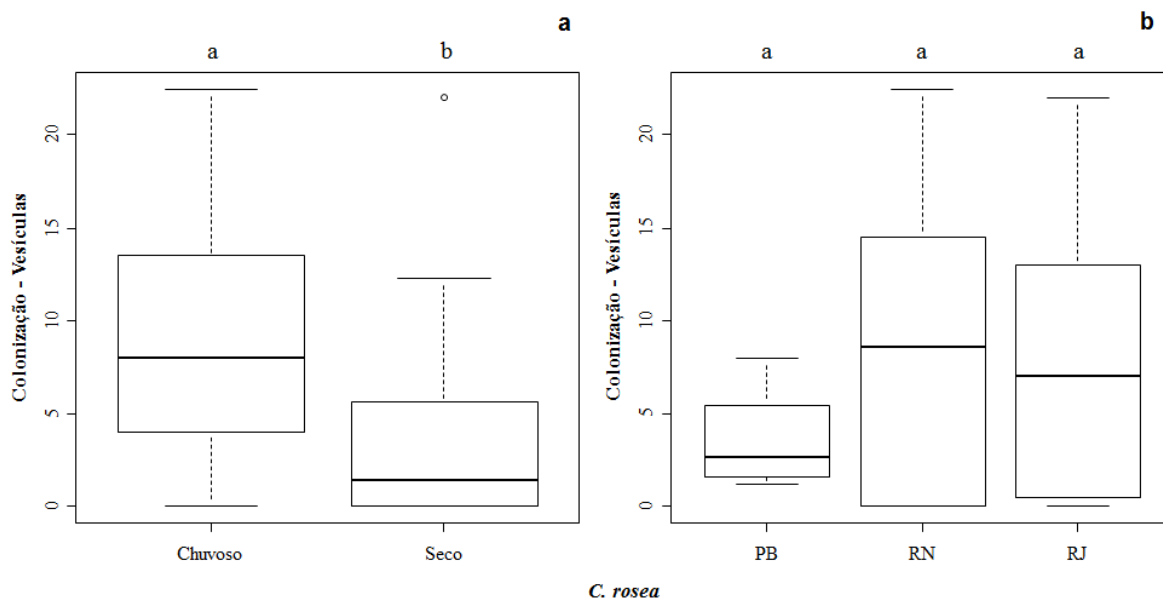
Figura 26 – Colonização arbuscular em raízes de *Canavalia rosea* coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, RJ - Rio de Janeiro)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

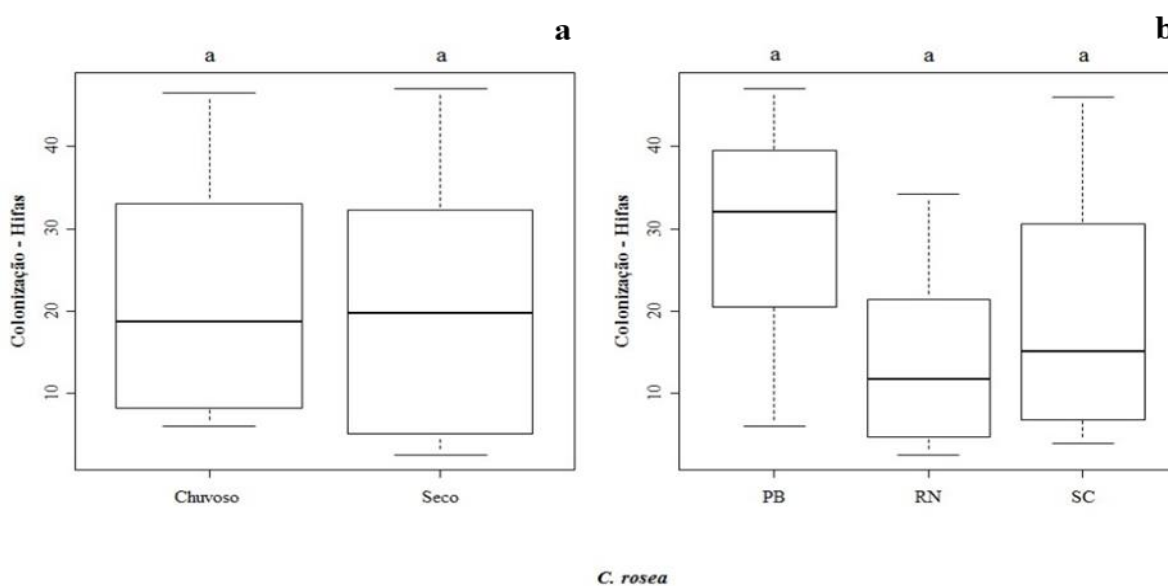
Fonte: A Autora, 2017.

Figura 27 – Colonização por vesículas em raízes de *Canavalia rosea* coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)



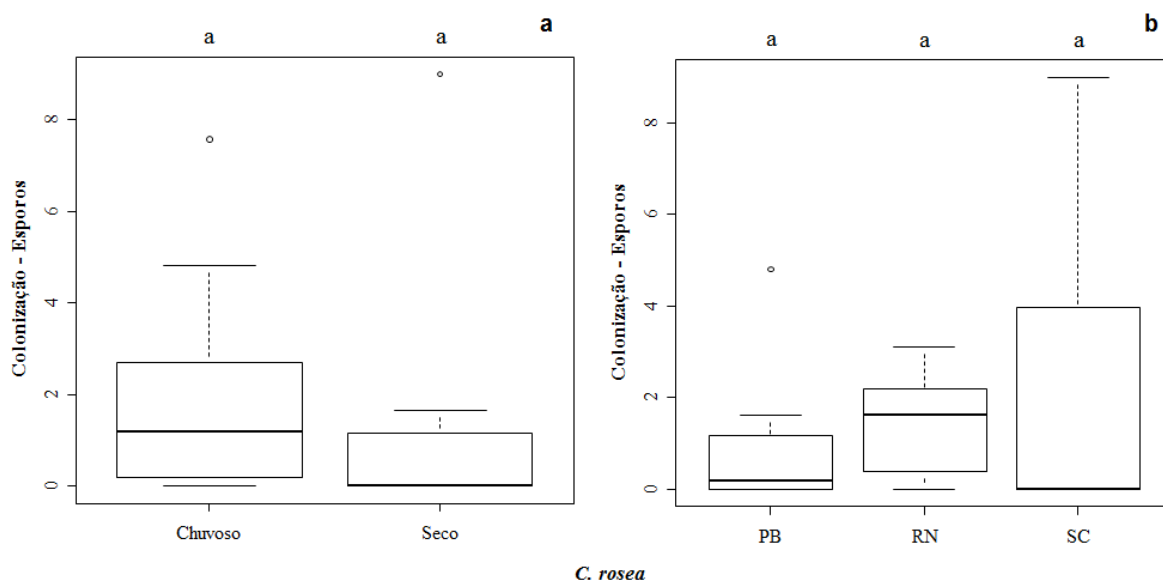
Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).
Fonte: A Autora, 2017.

Figura 28 – Colonização por hifas em raízes de *Canavalia rosea* coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).
Fonte: A Autora, 2017.

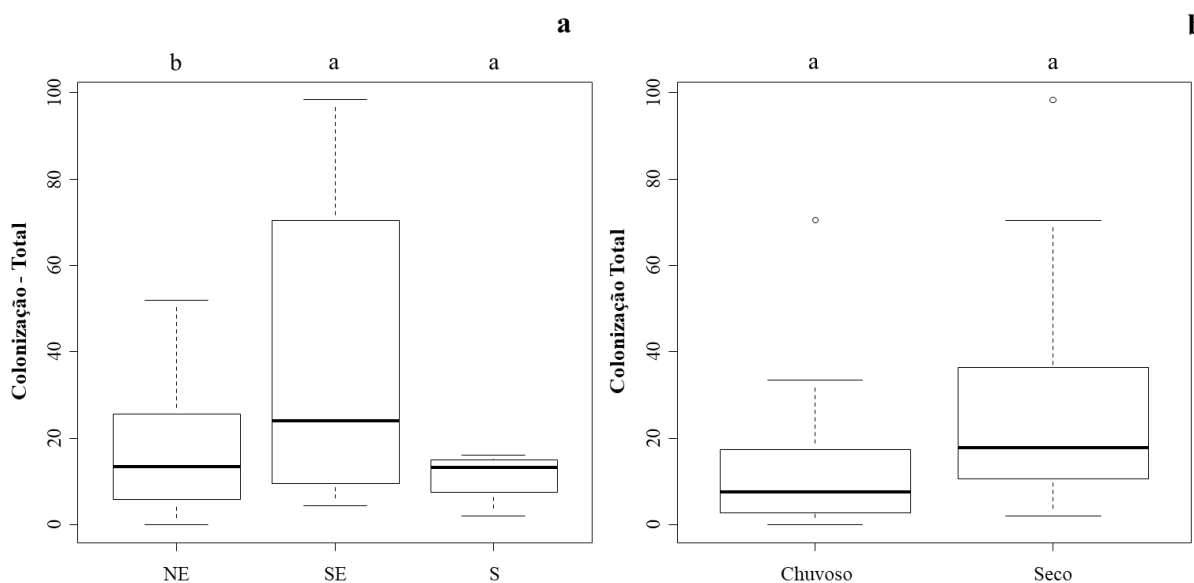
Figura 29 – Porcentagem de esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Canavalia rosea* coletadas em: (a) dois períodos (chuvoso e seco); (b) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte e RJ - Rio de Janeiro)

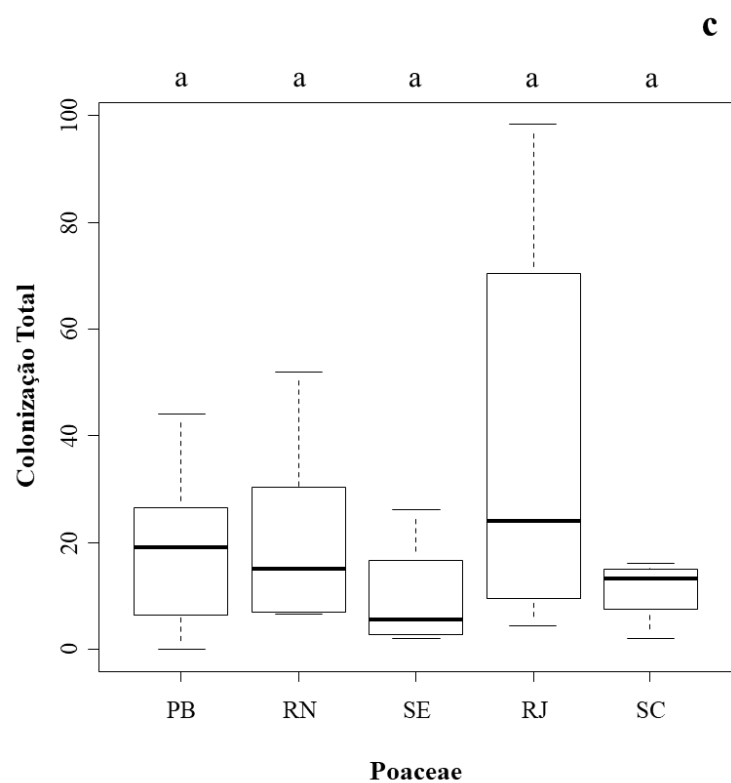


Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

Figura 30 – Colonização micorrízica total em espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul); (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)

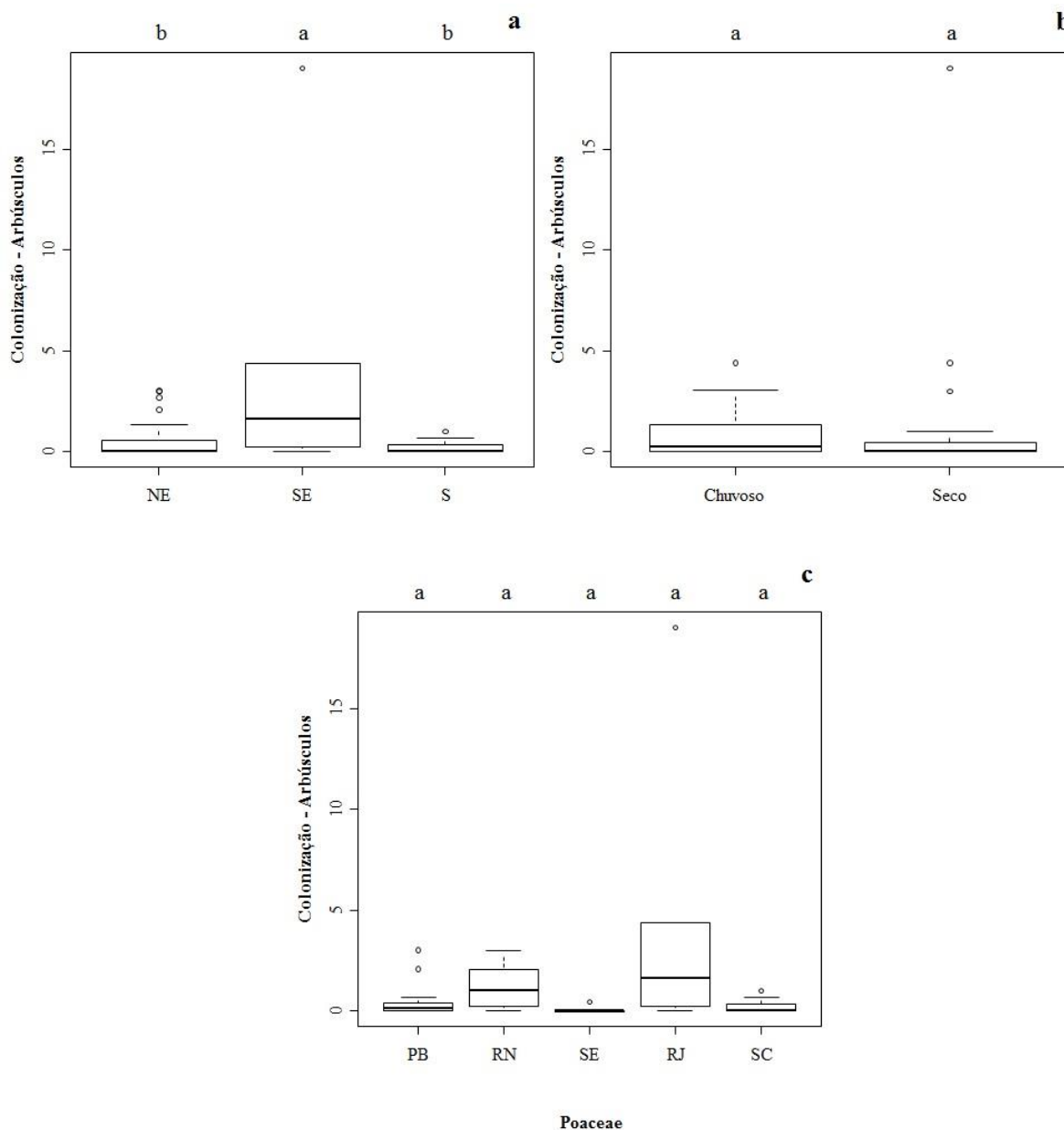




Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

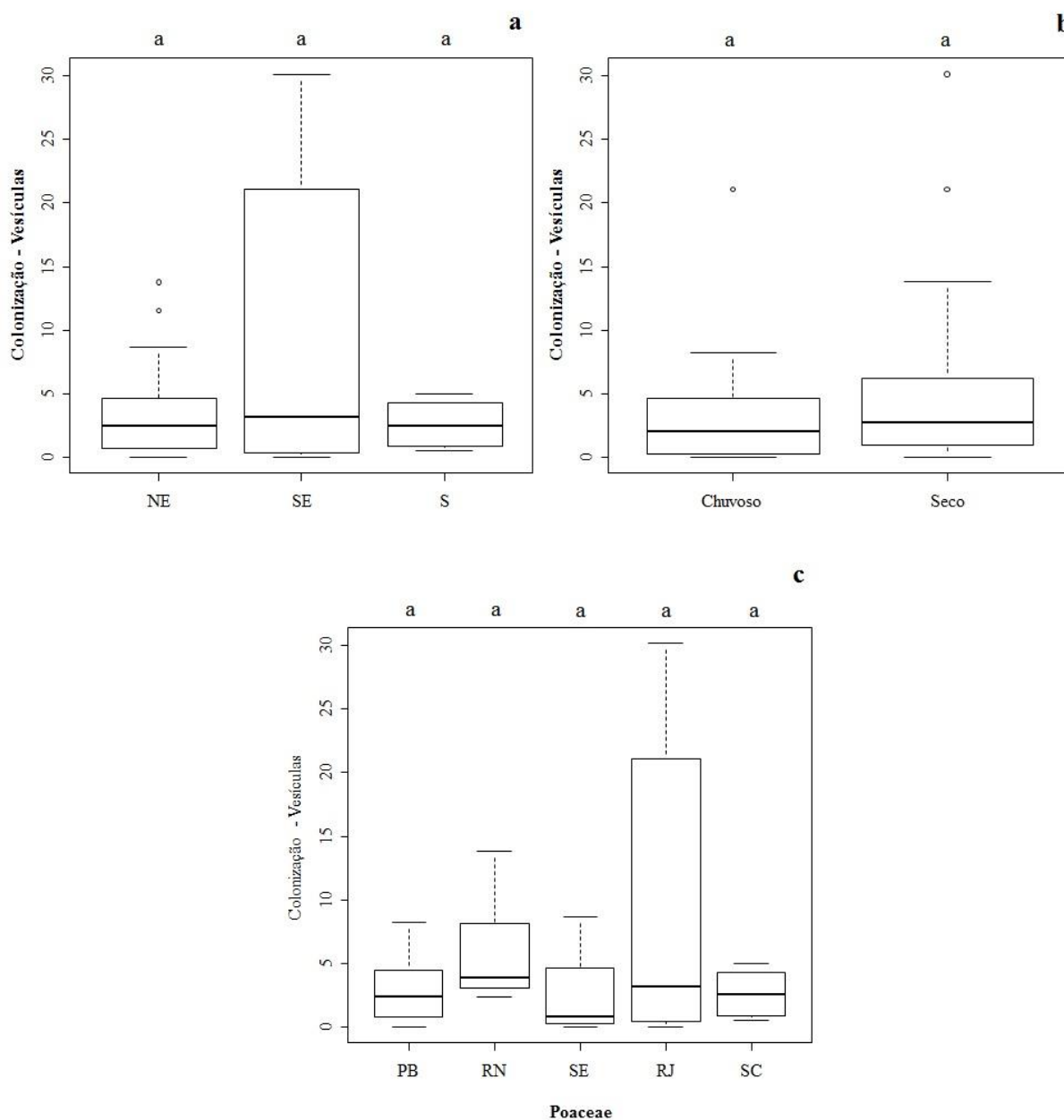
Figura 31 – Colonização arbuscular em raízes de espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

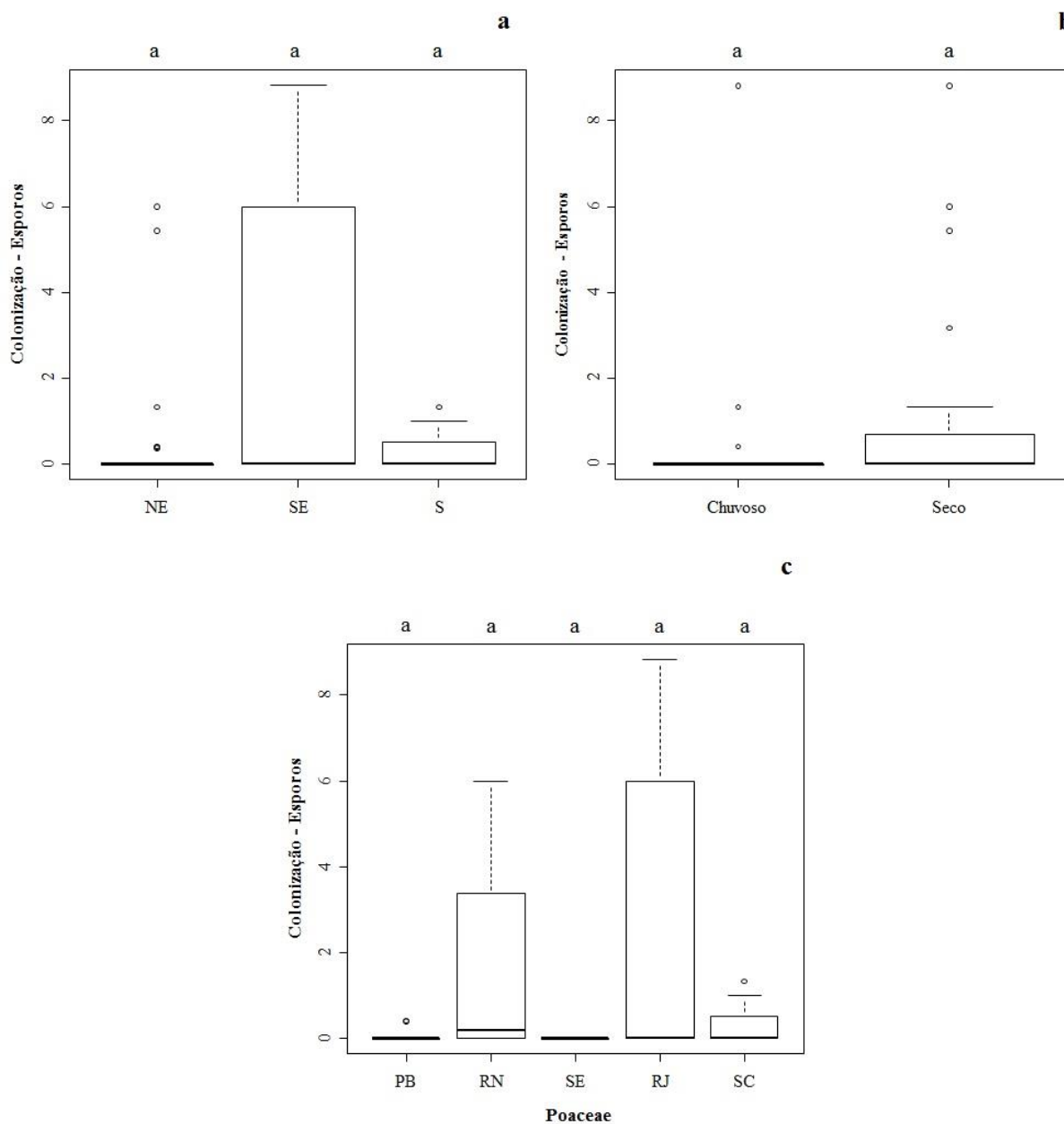
Figura 32 – Colonização por vesículas em raízes de espécies de Poaceae coletadas em diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), em dois períodos (chuvoso e seco) e em diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

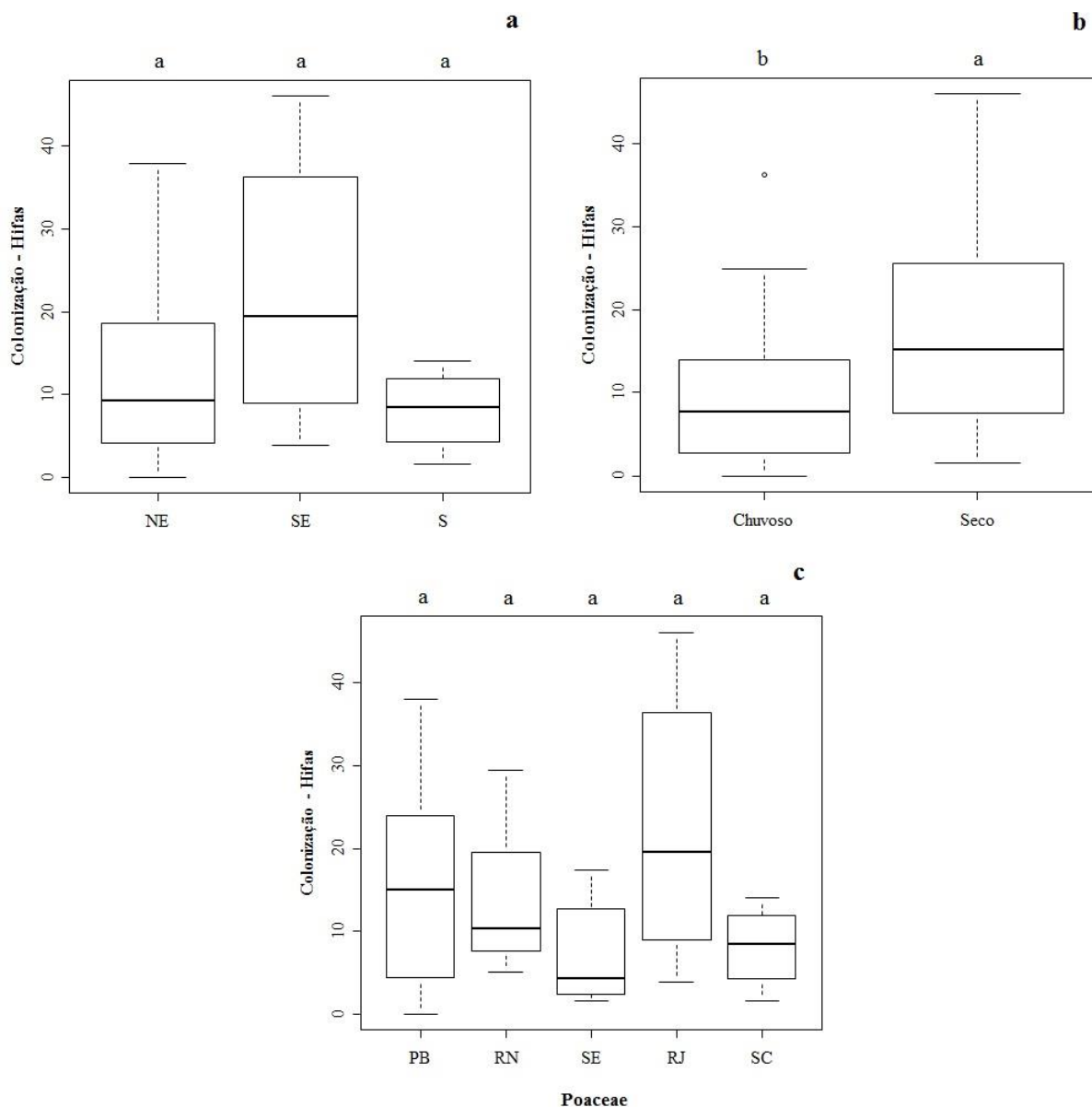
Fonte: A Autora, 2017.

Figura 33 – Esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).
 Fonte: A Autora, 2017.

Figura 34 – Colonização por hifas de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de espécies de Poaceae coletadas em: (a) diferentes regiões do Brasil (NE - Nordeste, SE - Sudeste e S - Sul), (b) dois períodos (chuvoso e seco); (c) diferentes locais (PB – Paraíba, RN - Rio Grande do Norte, SE - Sergipe, RJ - Rio de Janeiro e SC - Santa Catarina)



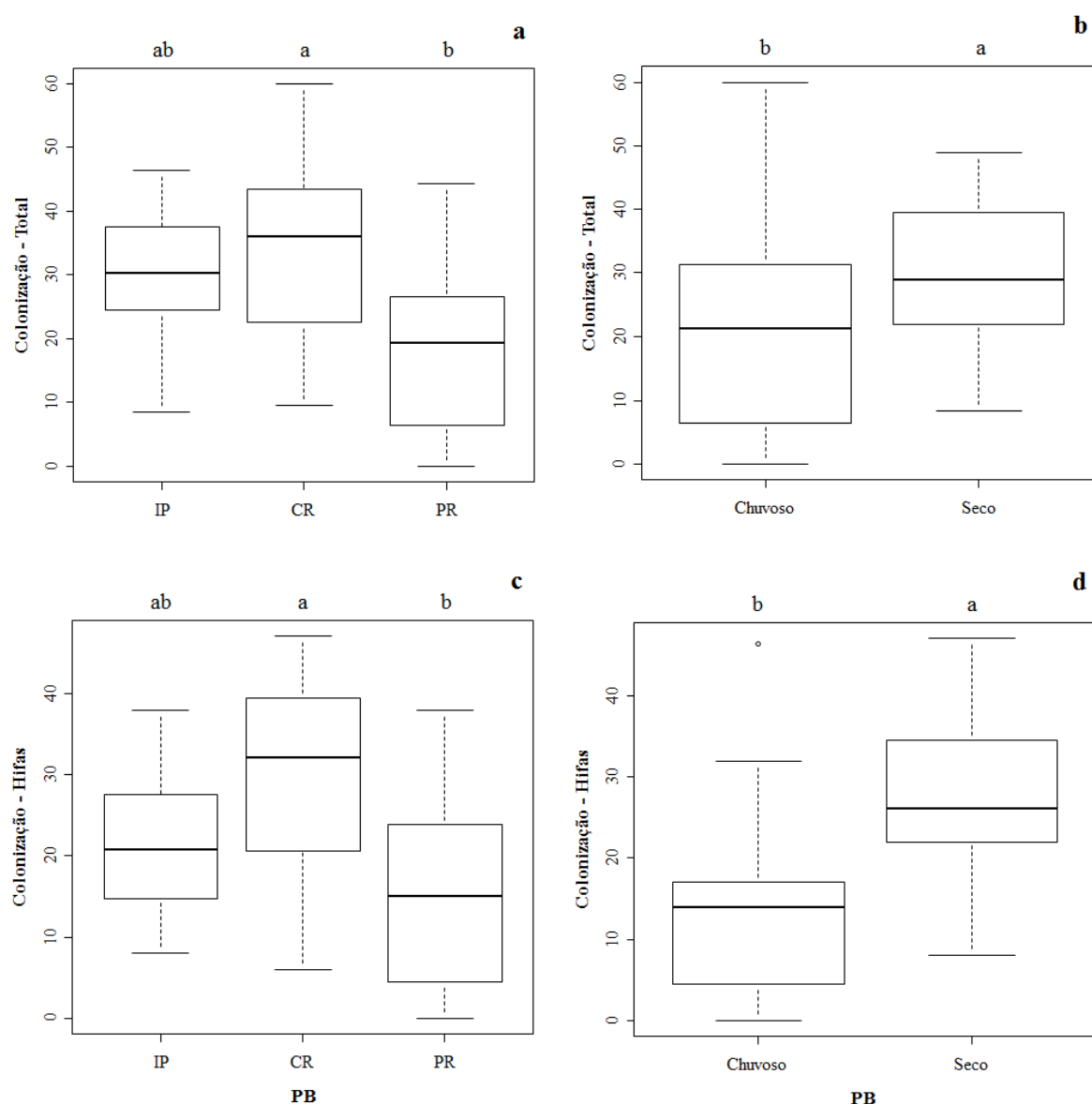
Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

Para as comparações em cada local são apresentados apenas os gráficos que mostram diferenças significativas com base em ANOVA. Para as raízes coletadas na PB, a colonização total variou de 0 a 60%, com os valores registrados para *C. rosea* diferindo do observado em

raízes de *P. racemosum* ($F=5,5$; $P<0,05$) e maior taxa de colonização total em raízes coletadas no período chuvoso (Figura 35a, b). A porcentagem de hifas variou de 1 a 47 e seguiu o mesmo padrão da taxa de colonização total, com o registrado para *C. rosea* diferindo do observado para *P. racemosum* ($F=5,5$; $P<0,05$) e maior colonização em raízes coletadas no período seco ($F=13,8$; $P<0,001$) (Figura 35c, d).

Figura 35 – Colonização total (a, b) e colonização por hifas (c, d) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Ipomoea pes-caprae* (IP), *Canavalia rosea* (CR) e *Panicum racemosum* (PR) coletadas em Mataraca (PB)

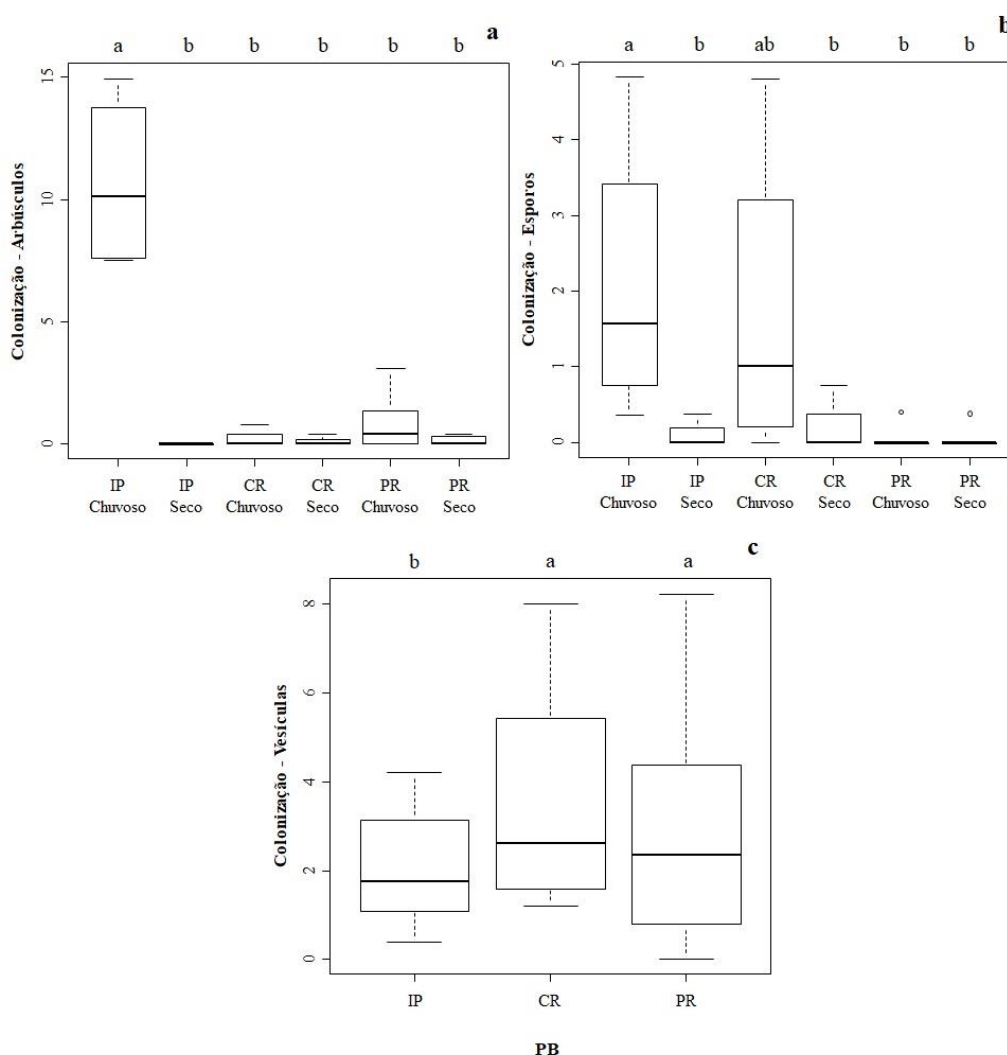


Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

A porcentagem de arbúsculos e de esporos intrarradiciais variou de 0 a 15 e de 0 a 5, respectivamente e houve interação entre os fatores espécies vegetais e períodos ($F_{\text{arbuscular}}=12,5$; $P<0,05$; $F_{\text{esporos}}=4,9$; $P<0,05$) (Figura 36a, b); maior valor de colonização arbuscular foi registrado em raízes de *I. pes-caprae* coletadas no período chuvoso e a porcentagem de esporos intrarradiciais diferiu em raízes de *I. pes-caprae* coletadas no período chuvoso do observado em raízes de *I. pes-caprae* do período seco, raízes de *C. rosea* do período seco e raízes de *P. racemosum*. A colonização por vesículas variou de 0 a 8% e foi menor em raízes de *Ipomoea pes-caprae* (IP) (Figura 36c).

Figura 36 – Colonização por arbúsculos (a), esporos (b) e vesículas (c) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Ipomoea pes-caprae* (IP), *Canavalia rosea* (CR) e *Panicum racemosum* (PR) em amostras coletadas em Mataraca (PB)

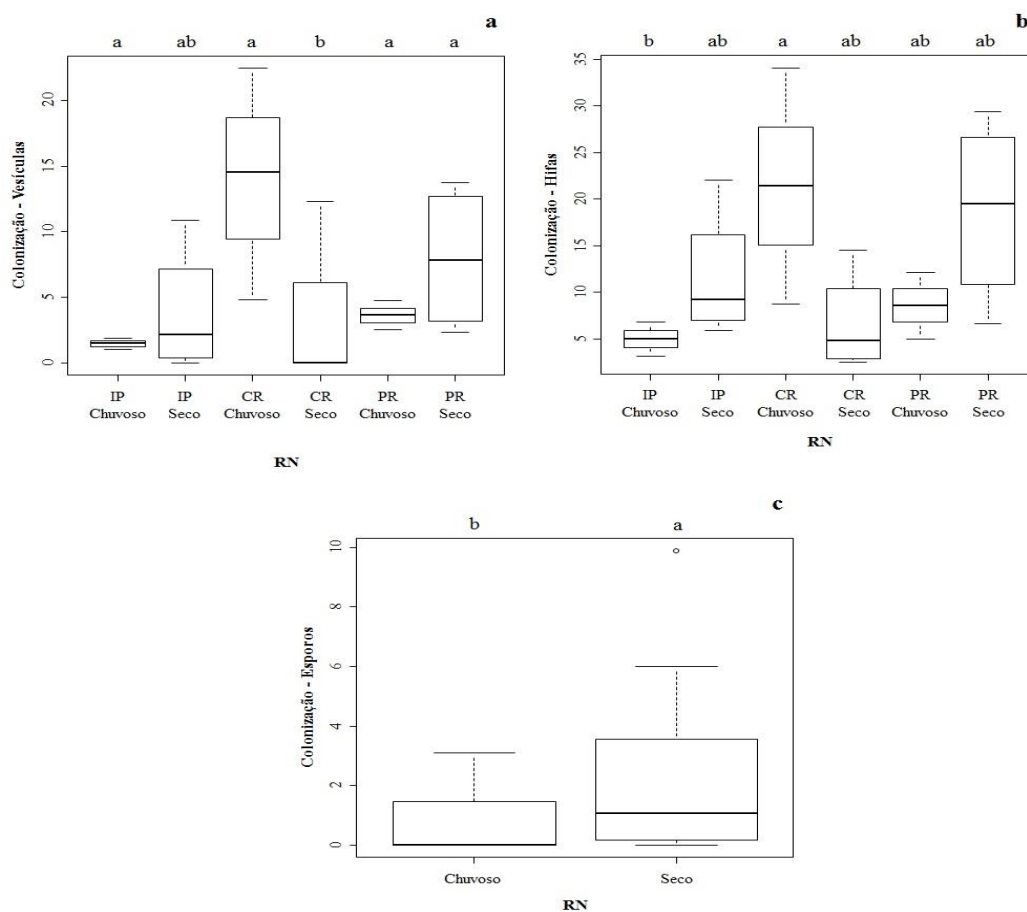


Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

A colonização micorrízica total variou de 2 a 67% e a colonização arbuscular variou de 0 a 7% e não houve diferença entre períodos ou espécies vegetais para esses tipos de colonização para raízes coletadas em RN. A colonização por vesículas variou de 0 a 22% e houve interação entre os fatores, com menores valores para as raízes de *C. rosea* do período seco que não diferiu do observado em raízes de *I. pes-caprae* do período seco ($F=6,0$; $P<0,05$) (Figura 37a). O percentual de hifas intrarradiculares variou de 2 a 34% e também houve interação entre os fatores períodos e espécies vegetais ($F=8,1$; $P<0,05$), com diferença do entre a taxa de colonização em raízes de *I. pes-caprae* do período chuvoso e *C. rosea* do mesmo período (Figura 37b). O percentual de esporos intrarradiculares variou de 0 a 10, com maiores valores registrados para o período seco ($F=4,9$; $P<0,05$) (Figura 37c).

Figura 37 – Colonização de raízes por vesículas (a), hifas (b) e esporos (c) em raízes de *Ipomoea pes-caprae* (IP), *Canavalia rosea* (CR) e *Panicum racemosum* (PR) coletadas na praia das Minas, no Rio Grande do Norte (RN)

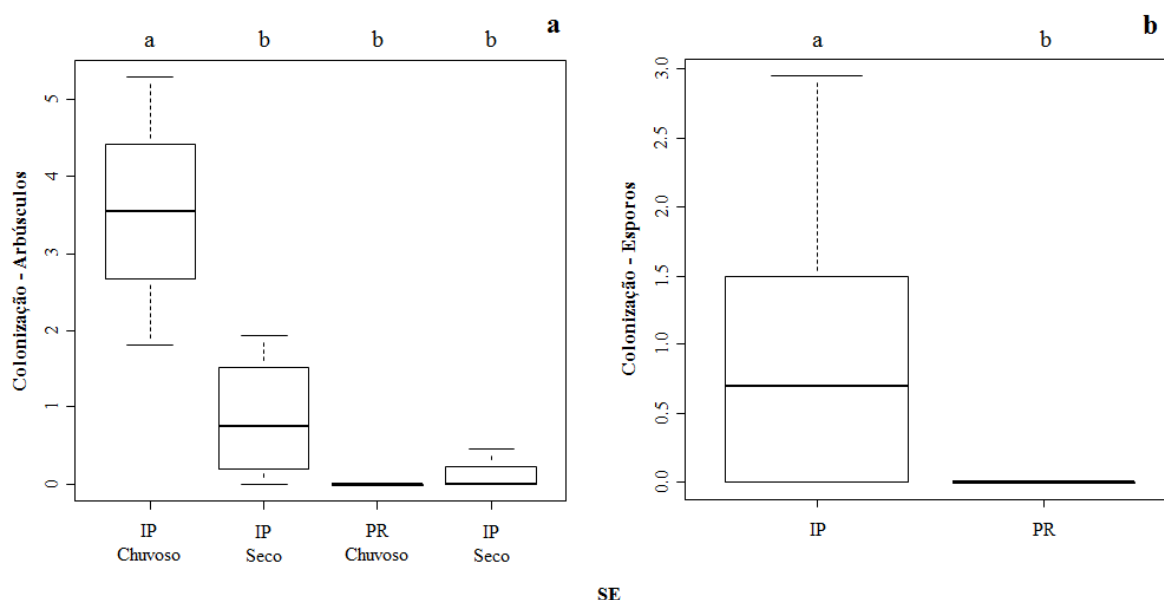


Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

Para SE, a colonização micorrízica total variou de 2% a 31%, a colonização por vesículas variou de 0 a 9% e a de hifas de 2 a 21% e não houve diferença entre períodos ou espécies vegetais para esses tipos de colonização. A colonização radicular por arbúsculos variou de 0 a 5% e houve interação entre fatores (espécies vegetais e períodos) ($F=10,0$; $P<0,05$), com raízes de *I. pes-caprae* coletadas no período chuvoso mais colonizadas (Figura 38a). A porcentagem de esporos intrarradiculares variou de 0 a 3, com maiores valores para as raízes de *I. pes-caprae* ($F=8,1$; $P<0,05$) (Figura 38b).

Figura 38 – Colonização de raízes por arbúsculos (a) e esporos (b) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em SE (Sergipe)



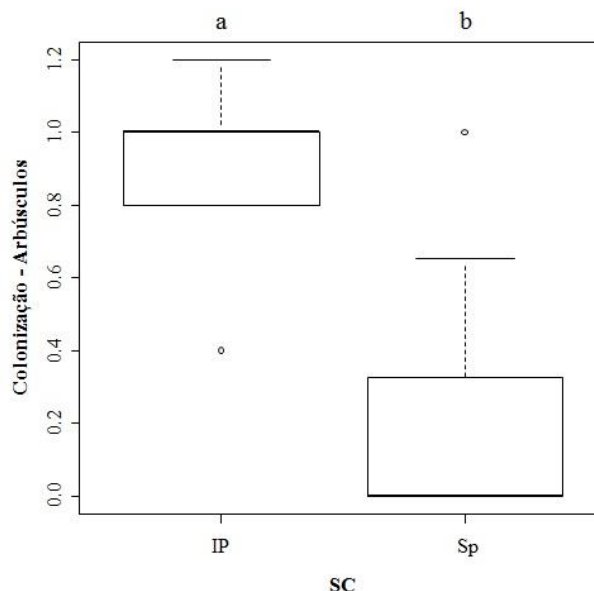
IP (*I. pes-caprae*) e PR (*P. racemosum*). Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos). Fonte: A Autora, 2017.

Não houve diferença na colonização micorrízica total, por arbúsculos, vesículas, hifas e esporos para as raízes coletadas no RJ. A colonização micorrízica total variou de 4 a 98%, a colonização arbuscular variou de 0 a 10%, a por vesículas teve variação de 0 a 30%, a taxa de colonização por hifas variou de 2 a 46% e a porcentagem de esporos intrarradiculares oscilou de 0 a 9%.

A colonização total oscilou entre 2 e 21% em raízes coletadas em SC. A colonização arbuscular variou de 0 a 1,2%, com maiores valores para *I. pes-caprae* ($F=18,1$; $P<0,05$) (Figura 39). A taxa de colonização por vesículas foi de <1 a 6%, a de hifas variou de <1 a 14% e o percentual de esporos intrarradiculares variou de 0 a 9. Não houve diferença entre espécies

vegetais ou períodos considerando a colonização micorrízica total, por vesículas, hifas e esporos.

Figura 39 – Colonização arbúscular de raízes coletadas em SC (Santa Catarina)



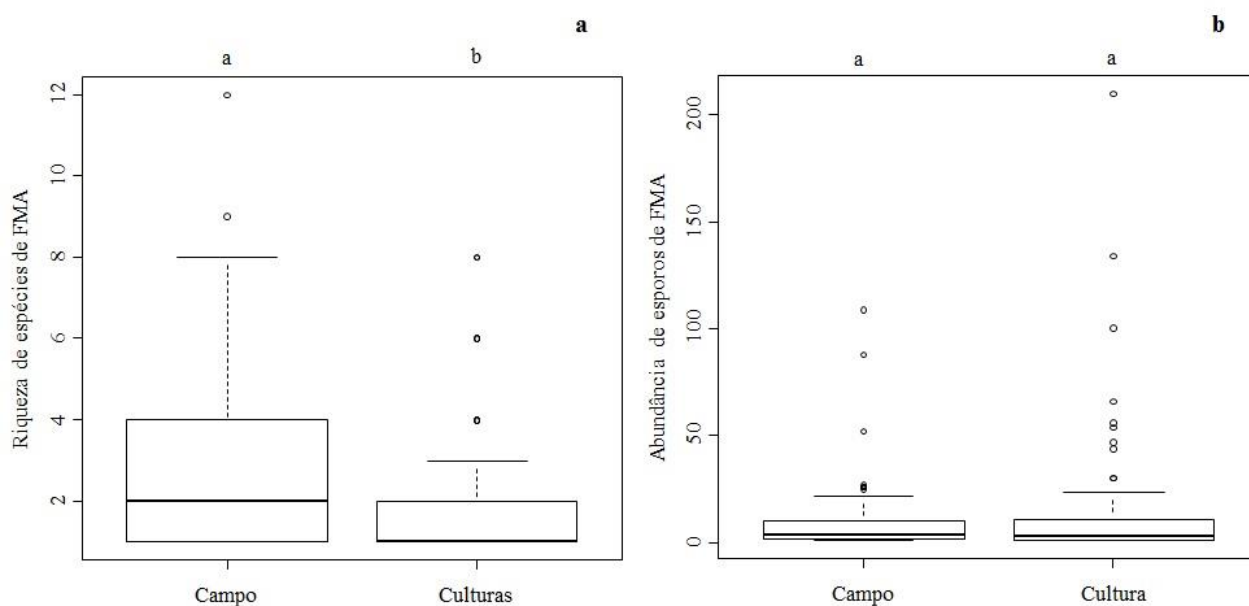
IP (*I. pes-caprae*) e Sp (*Spartina sp.*). Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos). Fonte: A Autora, 2017.

2.2.3 Riqueza de morfoespécies de fungos micorrízicos arbúsculares (FMA)

Com base em amostras de culturas armadilha foi possível identificar 30 táxons de FMA pertencentes a 12 gêneros: *Acaulospora* (6 táxons), *Cetraspora* (3), *Corymbiglomus* (1), *Dentiscutata* (2), *Fuscutata* (1), *Gigaspora* (1), *Glomus* (7), *Paradentiscutata* (1), *Racocetra* (3), *Rhizoglomus* (1), *Scutellospora* (1) e *Septoglomus* (3). Entre as espécies identificadas, *Glomus microcarpum*, *Glomus sp.5*, *Racocetra sp.* e *Septoglomus deserticola* foram recuperados exclusivamente a partir de amostras desses cultivos. Nas amostras coletadas diretamente do campo foram recuperadas 53 morfoespécies de FMA inseridas em 19 gêneros: *Acaulospora* (10 táxons), *Ambispora* (2), *Cetraspora* (4), *Claroideoglomus* (2), *Corymbiglomus* (1), *Dentiscutata* (2), *Diversispora* (1), *Entrophospora* (1), *Funneliformis* (1), *Fuscutata* (1), *Gigaspora* (4), *Glomus* (8), *Intraornatospora* (1), *Paradentiscutata* (1), *Racocetra* (3), *Rhizoglomus* (4), *Sclerocystis* (1), *Scutellospora* (3) e *Septoglomus* (3).

A riqueza de espécies de FMA recuperada a partir de culturas armadilha foi estatisticamente inferior à registrada nas amostras coletadas diretamente do campo ($F=7,0$; $P<0,05$) (Figura 40a). Não houve diferença entre a abundância de esporos recuperados de amostras de solo do campo e de culturas (Figura 40b), bem como entre a diversidade de espécies de FMA com base no índice de Shannon (dados não apresentados).

Figura 40 – Comparação entre a riqueza de táxons de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) (a) e a abundância de esporos de FMA (b) recuperados diretamente de amostras de solo de campo em relação ao recuperado a partir de culturas armadilha



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

A riqueza total de FMA considerando a recuperada em amostras de campo e de culturas armadilha foi representada por 57 morfoespécies. Essas espécies pertencem a 19 gêneros: *Acaulospora* (10 táxons), *Ambispora* (2), *Cetraspora* (4), *Claroideoglomus* (2), *Corymbiglomus* (1), *Dentiscutata* (2), *Diversispora* (1), *Entrophospora* (1), *Funneliformis* (1), *Fuscutata* (1), *Gigaspora* (4), *Glomus* (10), *Intraornatospora* (1), *Paradentiscutata* (1), *Racocetra* (4), *Rhizoglomus* (4), *Sclerocystis* (1), *Scutellospora* (3) e *Septoglomus* (4) (Tabela 10). A curva de acumulação de espécies não atingiu o ponto de estabilização (Figura 41a) e com base na análise de extrapolação o dobro de amostras ainda seria insuficiente para representar toda a riqueza de FMA em dunas e restingas (Figura 41b). As curvas de acumulação

de espécies de FMA para cada local não saturaram e maior riqueza de táxons foi registrada em SC, considerando o mesmo número de amostras (por exemplo, 15 amostras) (Figura 42).

Tabela 10 – Abundância relativa das espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) identificadas em dunas e restingas do Brasil

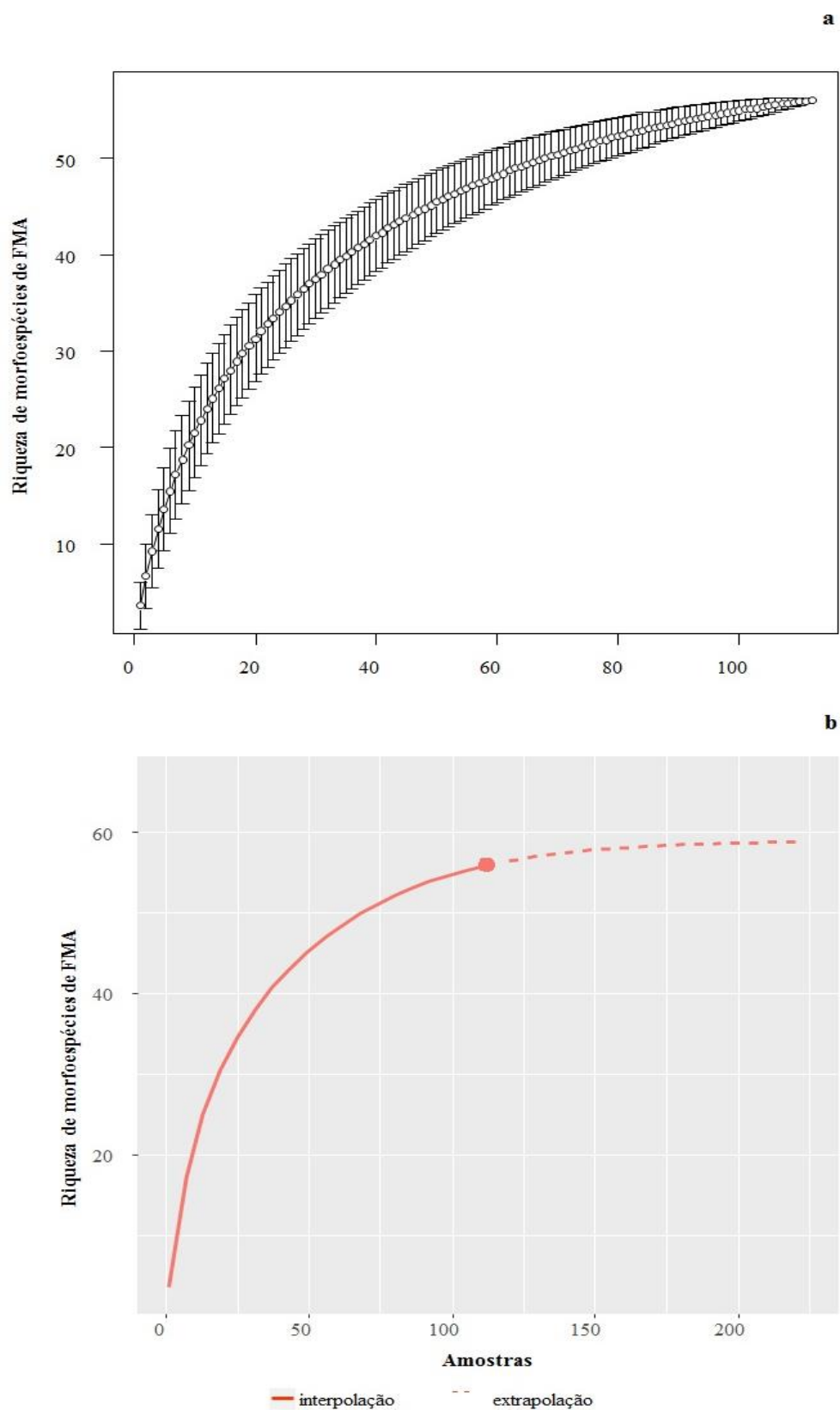
Morfoespécies de FMA	PB	RN	SE	RJ	SC
Archaeosporales					
<i>Ambispora appendicula</i>	0.06	0.24	0.41	0.00	0.00
<i>Ambispora</i> sp.	0.00	0.24	0.00	0.00	1.85
Diversisporales					
<i>Acaulospora herrerae</i>	4.44	4.17	0.00	2.83	0.00
<i>A. laevis</i>	0.00	1.19	0.00	0.00	0.00
<i>A. mellea</i>	0.36	0.00	0.00	4.10	0.00
<i>A. scrobiculata</i>	0.68	5.57	2.83	3.46	20.53
<i>A. spinosa</i>	0.00	0.24	0.00	1.11	0.00
<i>A. spinosissima</i>	0.00	0.24	0.00	1.11	0.00
<i>A. foveata</i>	0.00	0.47	0.00	0.32	0.00
<i>Acaulospora</i> sp.1	0.00	0.00	1.62	1.89	0.24
<i>Acaulospora</i> sp.2	0.00	1.06	0.00	0.00	0.00
<i>Acaulospora</i> sp.3	0.00	0.00	0.00	0.00	1.18
<i>Corymbiglomus globiferum</i>	14.42	2.25	8.87	0.63	24.44
<i>Diversispora eburnea</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00
Gigasporales					
<i>Cetraspora gilmorei</i>	8.42	5.42	0.77	2.52	2.12
<i>Cetraspora</i> sp.1	16.53	2.59	32.54	8.03	1.41
<i>Cetraspora</i> sp.2	0.00	1.64	0.00	0.00	0.00
<i>Cetraspora</i> sp.3	0.00	0.24	0.00	0.16	14.92
<i>Dentiscutata cerradensis</i>	0.10	0.00	0.00	0.00	0.71
<i>Dentiscutata</i> sp.	0.45	2.25	4.44	2.83	5.14
<i>Fuscutata rubra</i>	0.16	0.94	0.81	0.63	0.71
<i>Gigaspora decipiens</i>	0.21	0.00	0.41	0.00	0.00
<i>G. gigantea</i>	0.92	0.00	0.81	0.00	0.00
<i>G. margarita</i>	2.36	14.99	5.24	1.58	0.47
<i>G. rosea</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.47
<i>Intraornatospora intraornata</i>	0.00	0.00	0.77	0.32	0.00
<i>Paradentiscutata maritima</i>	4.24	0.00	2.79	0.00	3.71
<i>Racocetra coralloidea</i>	1.80	2.25	1.21	1.11	0.24
<i>R. fulgida</i>	1.17	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>R. gregaria</i>	0.27	3.57	0.00	0.79	3.94
<i>Racocetra</i> sp.	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Scutellospora aurigloba</i>	0.10	0.00	0.00	0.00	0.47
<i>Scutellospora</i> sp.1	0.16	0.60	2.02	3.62	0.71

Continuação Tabela 10

Morfoespécies de FMA	PB	RN	SE	RJ	SC
<i>Scutellospora</i> sp.2	0.00	0.47	0.00	0.00	0.00
Glomerales					
<i>Claroideoglomus claroideum</i>	0.00	1.79	0.00	0.00	0.00
<i>Cl. etunicatum</i>	1.85	0.60	0.00	0.32	1.85
<i>Entrophospora infrequens</i>	0.00	0.00	0.00	0.16	0.00
<i>Funneliformis mosseae</i>	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Glomus ambisporum</i>	0.17	0.60	0.00	0.00	0.00
<i>Glomus brohultii</i>	5.37	1.19	0.00	2.53	1.18
<i>Gl. glomerulatum</i>	0.58	0.24	0.41	0.00	2.09
<i>Gl. macrocarpum</i>	2.10	1.43	2.42	2.84	0.24
<i>Gl. microcarpum</i>	0.00	0.00	0.81	0.16	0.94
<i>Glomus</i> sp.1	0.00	0.00	0.00	8.05	0.00
<i>Glomus</i> sp.2	0.10	0.00	0.77	0.00	0.00
<i>Glomus</i> sp.3	3.42	0.83	4.73	0.16	3.97
<i>Glomus</i> sp.4	0.00	0.00	0.00	0.00	1.41
<i>Glomus</i> sp.5	0.00	0.00	12.31	0.00	0.00
<i>Rhizoglomus clarum</i>	0.06	0.00	0.00	0.48	0.00
<i>Rh. intraradices</i>	4.12	1.79	6.16	1.89	0.00
<i>Rh. natalensis</i>	0.00	0.00	0.00	0.95	1.65
<i>Rhizoglomus</i> sp.	0.40	0.00	5.39	20.03	1.85
<i>Sclerocystis sinuosa</i>	0.42	0.60	0.00	0.00	0.00
<i>Septoglomus constrictum</i>	23.93	38.00	0.77	25.47	1.18
<i>Se. deserticola</i>	0.40	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>Se. titan</i>	0.21	2.38	0.77	0.00	0.00
<i>Septoglomus</i> sp.	0.00	0.00	0.00	0.00	0.47

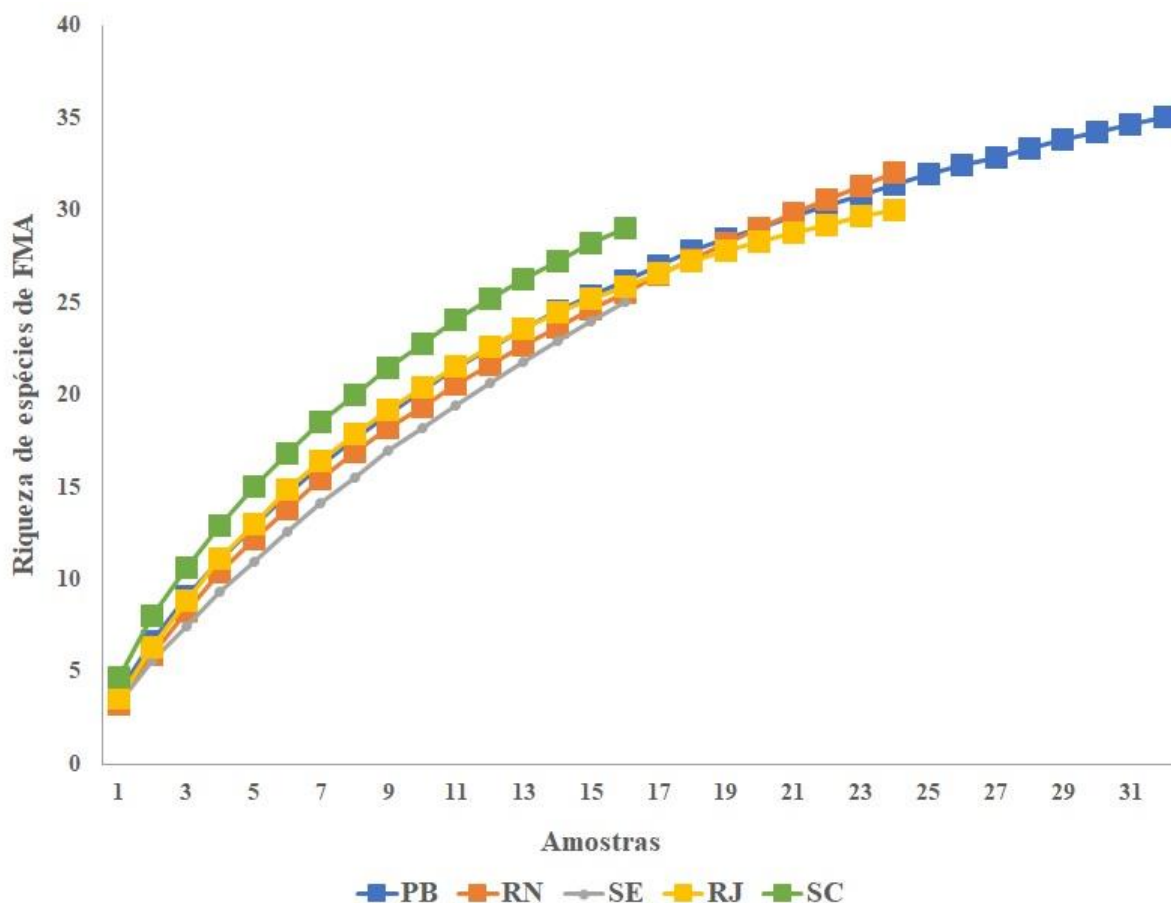
Fonte: A Autora, 2017.

Figura 41 – Curva de acumulação de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) considerando todas as amostras coletadas (a) e curva de extrapolação (b)



Fonte: A Autora, 2017.

Figura 42 – Curvas de acumulação de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) para cada local (Mataraca – PB, Praia das Minas – RN, Praia do Abaís – SE, Praia do Grumari – RJ e Praia do Paiquerê – SC)



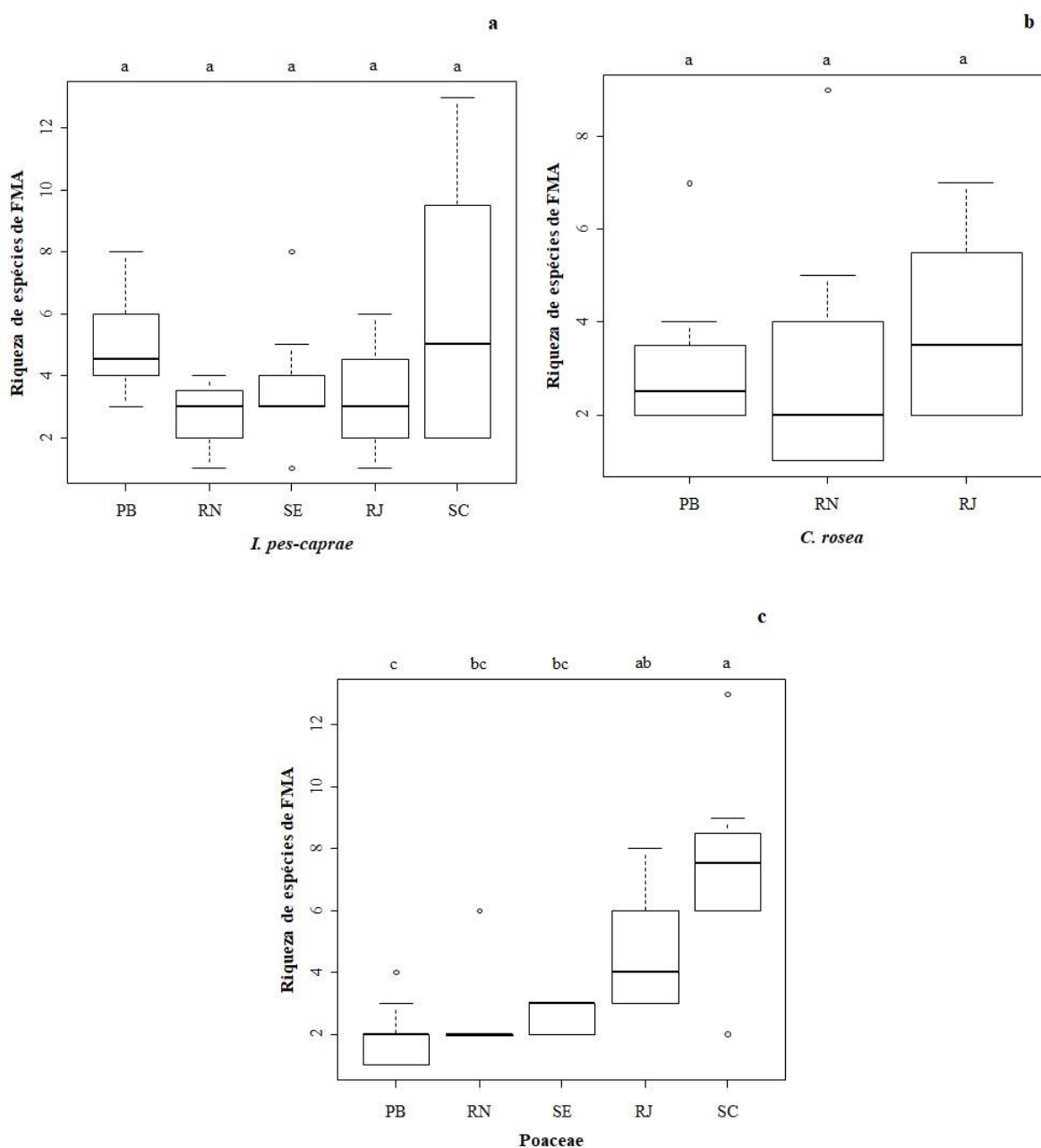
Fonte: A Autora, 2017.

A riqueza de espécies de FMA sob influência das espécies vegetais foi comparada estatisticamente entre os locais porque são comparações baseadas no mesmo número de amostras (quatro amostras por espécie vegetal). A riqueza variou de 1 a 13 espécies de FMA (Figura 43a) em amostras de solo sob influência de *I. pes-caprae*; para *C. rosea*, a riqueza de espécies de FMA variou de 1 a 9 espécies (Figura 43b); para a Poaceae, a riqueza de táxons de FMA variou de 1 a 13 (Figura 43c).

A diversidade com base no índice de Shannon variou de 1,0 a 2,6 em amostras de solo sob influência de *I. pes-caprae* (Figura 44a); para *C. rosea*, a diversidade variou de 1,0 a 2,1 (Figura 44b); para a Poaceae, a diversidade de Shannon variou de 1,0 a 2,2 (Figura 44c). Houve diferença significativa apenas na riqueza ($F=17,9$; $P < 0,0001$) e diversidade ($F=17,9$; $P < 0,0001$) de espécies de FMA identificadas a partir de amostras coletadas sob influência de

espécies de Poaceae, com valores maiores para as amostras coletadas na Praia do Paiquerê (SC) sob influência de *Spartina* sp. que não diferiu para as raízes de coletadas na Praia do Grumari (RJ) sob influência de *Stenotaphrum secundatum*.

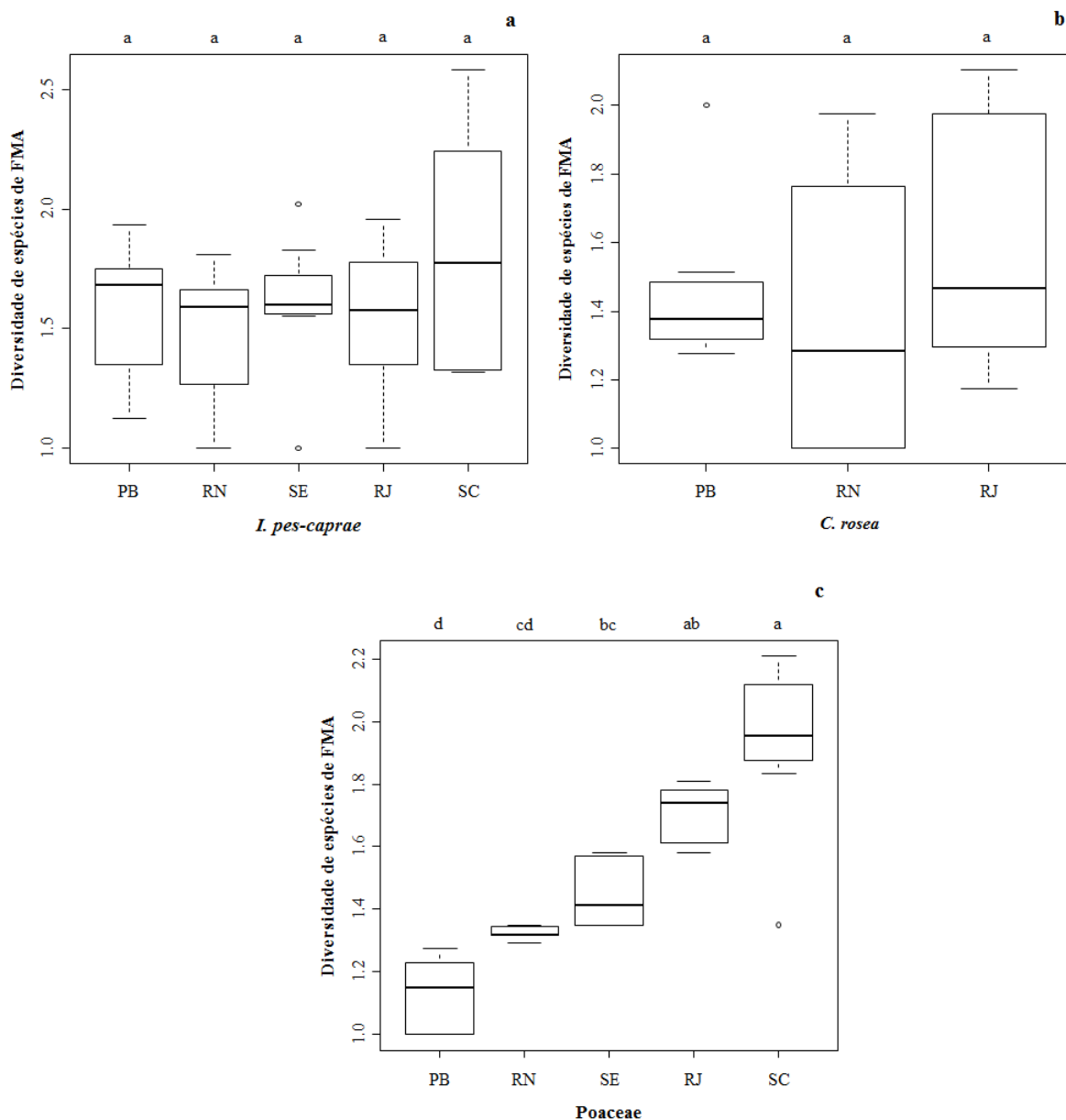
Figura 43 – Riqueza de espécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em amostras de solo sob influência de *Ipomoea pes-caprae* (a), *Canavalia rosea* (b) e espécies de Poaceae (c) em dunas e restingas do Brasil



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

Figura 44 – Diversidade de espécies de fungos micorrizicos arbusculares (FMA) em amostras de solo sob influência de *Ipomoea pes-caprae* (a), *Canavalia rosea* (b) e espécies de Poaceae (c) em dunas e restingas do Brasil



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).
 Fonte: A Autora, 2017.

Entre as espécies identificadas, *Cetranspora* sp.1 foi indicadora para a Praia do Abaís (SE) e *Cetranspora* sp.3 indicadora para a Praia do Paiquerê (SC). Considerando as regiões, *Scutellospora* sp.1 foi indicadora para o Sudeste e *Acaulospora scrobiculata*, *Corymbiglomus globiferum* e *Dentiscutata* sp.1 para a região Sul (Tabela 11).

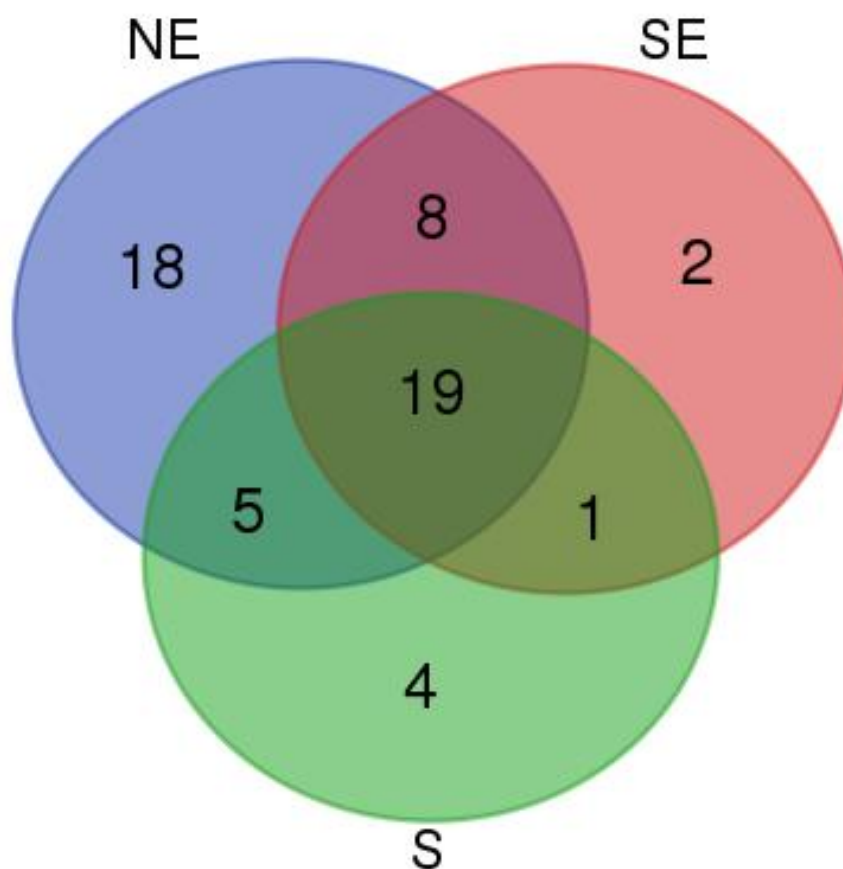
Tabela 11 – Resultados da análise de espécies indicadoras de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e respectivos valores de indicação (IndVal) para locais e regiões

Espécies	Local	IndVal	Região	IndVal
<i>Acaulospora scrobiculata</i>	SC	20.0*	S	28.8*
<i>Cetraspora</i> sp.1	SE	34.3***		
<i>Cetraspora</i> sp.3	SC	58.3***		
<i>Corymbiglomus globiferum</i>	SC	22.1**	S	32.5*
<i>Dentiscutata</i> sp.	SC	22.0*	S	32.1**
<i>Scutellospora</i> sp.1	RJ	23.0**	SE	29.8**

SC-Santa Catarina; SE-Sergipe; RJ-Rio de Janeiro e regiões S-Sul e SE-Sudeste. Valores de *P* baseados em 999 permutações. * significativo a 0,05, ** significativo a 0,01 e *** significativo a 0,001. Fonte: A Autora, 2017.

Apenas 19 das 57 morfoespécies de FMA ocorreram nas três regiões (<35%). No Nordeste foi registrado maior número de táxons de FMA únicos, o que pode estar relacionado ao maior número de amostras analisadas para essa região. Para o Sudeste, foram registradas duas espécies exclusivas (*Entrophospora infrequens* e *Glomus* sp.1), enquanto para a região Sul, onde foi coletado menor número de amostras em relação às demais regiões, quatro táxons de FMA foram exclusivos (*Acaulospora* sp.3, *Gigaspora rosea*, *Glomus* sp.4 e *Septoglomus* sp.) (Figura 45) (Tabela 10). Comparando as localidades no Nordeste, *Diversispora eburnea*, *Funneliformis mosseae*, *Racocetra* sp. e *Septoglomus deserticola* foram exclusivamente registrados em amostras coletadas em Mataraca (PB), *Acaulospora laevis*, *Acaulospora* sp.2, *Cetraspora* sp.2, *Claroideoglomus claroideum* e *Scutellospora* sp.2 foram unicamente identificados para a Praia das Minas (RN) e *Glomus* sp.6 na Praia do Abaís (SE).

Figura 45 – Diagrama de Venn mostrando a riqueza de morfoespécies de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) entre regiões do Brasil

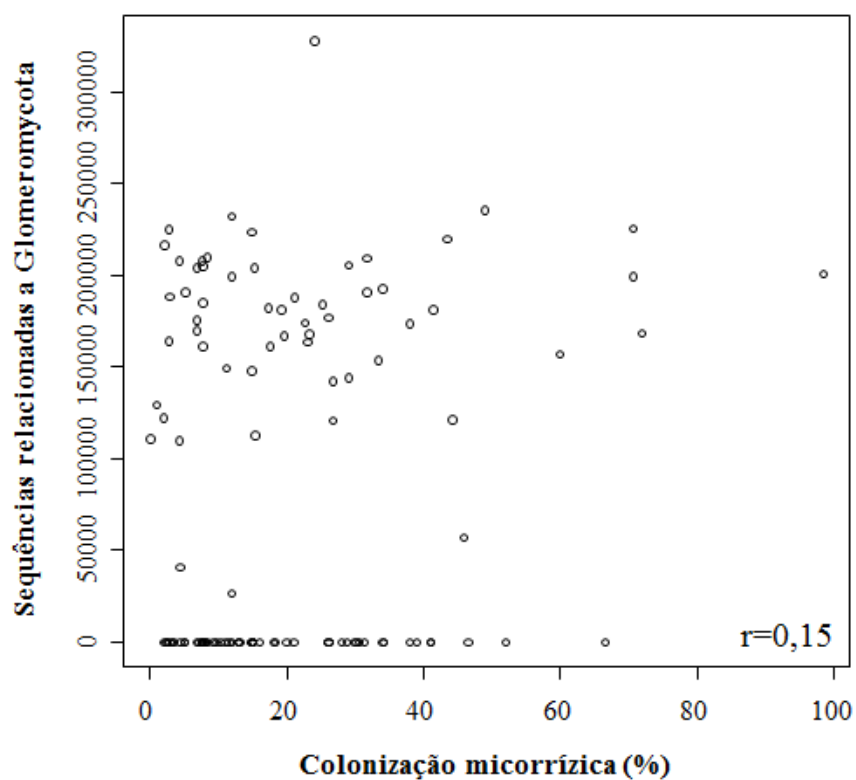


Fonte: A Autora, 2017.

2.2.4 Riqueza de VTs de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

Entre as 112 amostras de raízes submetidas a PCR, foi possível amplificar o DNA de 57 amostras: 17 amostras de raízes de *I. pes-caprae*, 12 de *C. rosea* e 28 de espécies de Poaceae. Um total de 10.228.688 de sequências foram obtidas, com no mínimo 450 bp, após os procedimentos de limpeza e dessas, 9.902.051 (97% das sequências) foram relacionadas aos VTs do banco de dados MaarjAM (similaridade $\geq 97\%$) correspondendo a 142 VTs entre os quais 12 foram representados por apenas uma ou duas sequências, sendo removidos das subsequentes análises. Entre os 130 VTs, 17 foram novos (8 dos quais foram registrados a partir deste estudo e 9 tinham sido identificados em estudos anteriores, mas ainda não foram inseridos no banco de dados MaarjAM). Apenas 13 dos VTs identificados (<10%) corresponderam a morfoespécies atualmente conhecidas para Glomeromycota (Tabela 12). Não houve correlação entre a porcentagem de raízes colonizadas por FMA e o número de sequências de FMA por amostras ($r=0,15$ e $P>0,05$) (Figura 46).

Figura 46 – Correlação entre o número de sequências de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) obtidas e a porcentagem de colonização micorrízica



Fonte: A Autora, 2017.

Tabela 12 – Abundância relativa de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) para cada espécie vegetal em dunas e restingas do Brasil

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie				
				relacionada	VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
Archaeosporomycetes	Archaeosporales	Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i>	sp.1	VT4	0.001	0.000	0.000
			<i>Archaeospora</i>	sp.2	VT51	0.061	0.000	0.003
Paraglomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus</i>	sp.1	VT1	0.218	0.000	0.961
			<i>Paraglomus</i>	sp.2	MO-P2	0.085	0.878	0.087
			<i>Paraglomus</i>	sp.3	NPar1	0.081	0.000	0.000
			<i>Paraglomus</i>	sp.4	NPar2	0.000	0.053	0.000
			<i>Paraglomus</i>	sp.5	NPar3	0.000	0.000	0.062
			<i>Paraglomus</i>	sp.6	NPar4	0.000	0.000	0.074
Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora</i>	sp.1	VT24	0.002	3.403	0.002
			<i>Acaulospora</i>	sp. 2	VT26	6.580	1.904	5.219
		Diversisporaceae	<i>Diversispora</i>	<i>epigaea</i>	VT61	0.000	0.001	0.009
			<i>Diversispora</i>	<i>spurca</i>	VT263	0.003	0.076	0.699
			<i>Diversispora</i>	sp.1	VT40	0.009	0.000	0.033
			<i>Diversispora</i>	sp.3	VT58	9.301	10.776	9.703
			<i>Diversispora</i>	sp.4	VT59	0.024	0.000	0.000
			<i>Diversispora</i>	sp.5	VT355	0.000	0.000	0.000
			<i>Diversispora</i>	sp.6	VT356	0.001	0.000	0.001

Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Diversispora</i>	sp.7		VT380	0.002	0.000	0.003
			<i>Diversispora</i>	sp.8		BD1	0.007	0.000	0.002
			<i>Diversispora</i>	sp.9		INTA_3	0.000	0.000	0.000
			<i>Diversispora</i>	sp.10		NDiv	0.309	0.000	0.416
			<i>Redeckera</i>	fulva		VT262	0.351	0.001	0.902
	Gigasporales	Dentiscutataceae	<i>Fuscutata</i>	heterogama		VT255	1.026	0.016	1.257
		Gigasporaceae	<i>Gigaspora</i>	decipiens		VT39	0.779	0.032	3.214
		Racocetraceae	<i>Racocetra</i>	castanea		VT41	8.314	7.941	3.425
		Scutellosporaceae	<i>Orbispora</i>	projecturata		VT260	0.000	0.000	0.000
			<i>Scutellospora</i>	sp.1		VT49	2.009	0.784	1.389
			<i>Scutellospora</i>	sp.2		VT52	2.673	1.173	4.584
			<i>Scutellospora</i>	sp.3		VT318	2.413	4.944	2.204
			<i>Scutellospora</i>	sp.4		NScu	0.259	0.000	0.000
	Glomerales	Entrophosporaceae	<i>Claroideoglomus</i>	lamellosum		VT193	1.593	0.001	0.001
			<i>Claroideoglomus</i>	sp.		LH-Cl01	0.007	0.000	0.000
			<i>Viscospora</i>	viscosa		VT63	0.246	0.000	0.000
		Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp.1		VT53	3.979	0.000	0.003
			<i>Glomus</i>	sp.2		VT64	0.096	0.701	0.013

Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Glomus</i>	sp.3		VT69	1.606	2.276	3.482
			<i>Glomus</i>	sp.4		VT75	0.006	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.5		VT77	0.011	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.6		VT80	0.000	0.000	0.004
			<i>Glomus</i>	sp.7		VT85	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.8		VT87	0.003	0.001	0.127
			<i>Glomus</i>	sp.9		VT89	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.10		VT91	0.001	0.000	0.002
			<i>Glomus</i>	sp.11		VT92	5.280	20.811	6.663
			<i>Glomus</i>	sp.12		VT93	0.188	0.001	1.042
			<i>Glomus</i>	sp.13		VT96	1.249	0.001	0.199
			<i>Glomus</i>	sp.14		VT98	4.782	0.497	3.511
			<i>Glomus</i>	sp.15		VT100	5.867	4.250	4.467
			<i>Glomus</i>	sp.16		VT108	0.012	0.010	0.029
			<i>Glomus</i>	sp.17		VT111	0.021	0.047	0.027
			<i>Glomus</i>	sp.18		VT112	10.272	27.257	10.770
			<i>Glomus</i>	sp.19		VT113	1.322	1.257	1.200
			<i>Glomus</i>	sp.20		VT114	0.082	0.015	0.026

Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Glomus</i>	sp.21		VT115	0.002	0.000	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.22		VT120	0.000	0.000	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.23		VT121	0.000	0.000	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.24		VT126	2.858	0.006	0.781
			<i>Glomus</i>	sp.25		VT130	0.001	0.000	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.26		VT131	0.000	0.146	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.27		VT132	7.611	0.079	5.662
			<i>Glomus</i>	sp.28		VT137	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.29		VT140	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.30		VT142	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.31		VT143	0.000	0.003	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.32		VT146	2.236	0.040	1.887
			<i>Glomus</i>	sp.33		VT153	0.001	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.34		VT154	0.000	0.010	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.35		VT155	0.013	0.001	0.013
			<i>Glomus</i>	sp.36		VT156	0.003	0.007	1.412
			<i>Glomus</i>	sp.37		VT163	0.000	0.000	0.003
			<i>Glomus</i>	sp.38		VT166	5.049	0.008	6.549

Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Glomus</i>	sp.39		VT167	0.001	0.004	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.40		VT175	0.000	0.000	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.41		VT185	0.447	7.031	0.144
			<i>Glomus</i>	sp.42		VT186	0.009	0.000	0.004
			<i>Glomus</i>	sp.43		VT187	0.736	0.001	0.275
			<i>Glomus</i>	sp.44		VT197	0.024	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.45		VT199	0.012	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.46		VT214	0.001	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.47		VT215	0.058	0.000	0.001
			<i>Glomus</i>	sp.48		VT219	0.001	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.49		VT247	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.50		VT248	0.004	0.002	0.096
			<i>Glomus</i>	sp.51		VT253	0.361	0.004	2.365
			<i>Glomus</i>	sp.52		VT256	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.53		VT259	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.54		VT280	6.685	1.213	5.738
			<i>Glomus</i>	sp.55		VT295	0.015	0.043	0.014
			<i>Glomus</i>	sp.56		VT304	0.000	0.005	0.184

Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Glomus</i>	sp.57		VT305	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.58		VT311	0.000	0.002	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.59		VT312	0.092	0.012	0.389
			<i>Glomus</i>	sp.60		VT315	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.61		VT322	0.004	0.000	0.003
			<i>Glomus</i>	sp.62		VT323	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.63		VT324	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.64		VT326	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.65		VT327	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.66		VT334	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.67		VT342	0.042	0.002	1.519
			<i>Glomus</i>	sp.68		VT344	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.69		VT345	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.70		VT359	0.005	0.000	0.026
			<i>Glomus</i>	sp.71		VT360	0.001	0.000	0.395
			<i>Glomus</i>	sp.72		VT362	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.73		VT363	0.004	0.003	0.007
			<i>Glomus</i>	sp.74		VT364	0.520	0.000	0.001

Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Glomus</i>	sp.75		VT382	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.76		VT384	0.006	0.000	0.010
			<i>Glomus</i>	sp.77		VT395	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.78		VT397	0.002	0.002	0.005
			<i>Glomus</i>	sp.79		VT398	0.001	0.000	0.151
			<i>Glomus</i>	sp.80		VT399	0.095	0.016	0.619
			<i>Glomus</i>	sp.81		VT403	1.917	0.014	5.604
			<i>Glomus</i>	sp.82		VT407	0.009	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.83		VT409	0.037	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.84		VT412	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.85		VT417	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.86		VT423	0.000	0.001	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.87		GCL_4	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.88		GCL_8	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.89		GCL_9	0.000	0.025	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.90		LH-Gl05	0.000	0.000	0.002
			<i>Glomus</i>	sp.91		LH-Gl08	0.000	0.000	0.000
			<i>Glomus</i>	sp.92		NGlo1	0.000	2.209	0.000

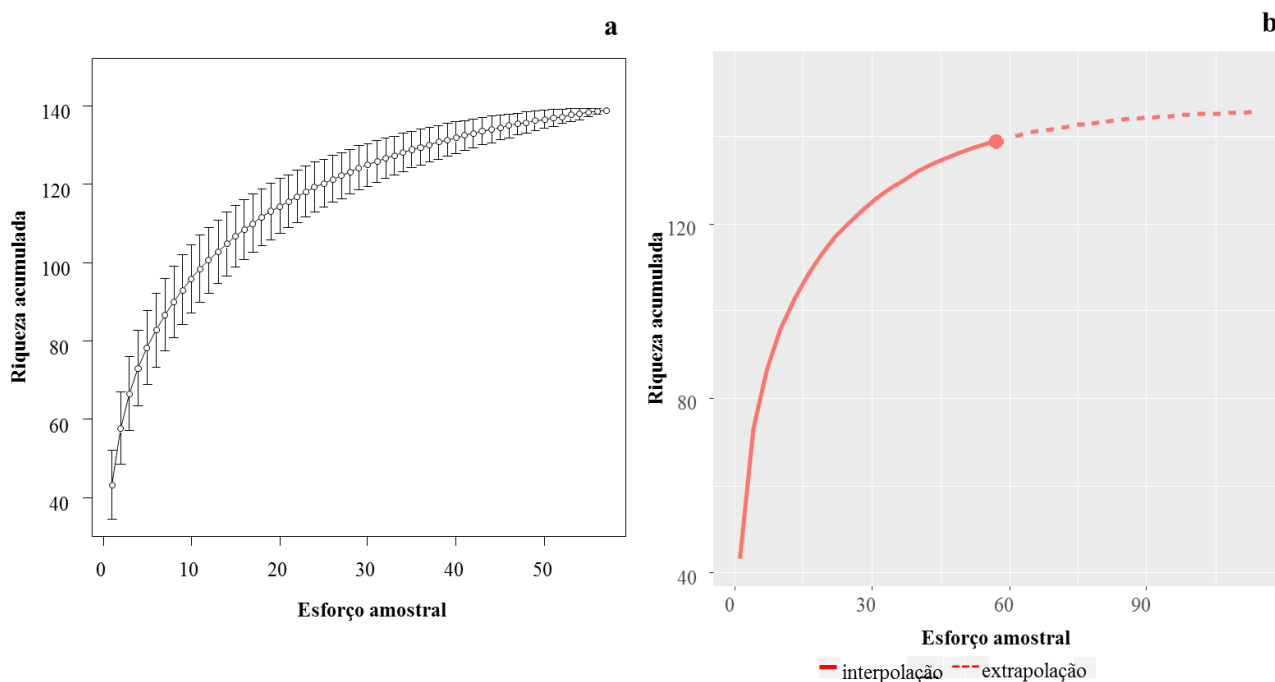
Continuação Tabela 12

Classe	Ordem	Família	Gênero	Morfoespécie		VT	<i>I. pes-caprae</i>	<i>C. rosea</i>	Poaceae
				relacionada					
			<i>Glomus</i>	sp.93	NGlo2		0.000	0.000	0.312
			<i>Rhizoglomus</i>	<i>clarum</i>	VT264		0.001	0.000	0.001
			<i>Rhizoglomus</i>	<i>intraradices</i>	VT105		0.001	0.001	0.002
			<i>Rhizoglomus</i>	<i>manihotis</i>	VT90		0.000	0.000	0.000
			<i>Rhizoglomus</i>	<i>proliferum</i>	VT99		0.000	0.000	0.000

Em verde são novos VTs que ainda não foram incorporados no MaarjAM, mas que já foram identificados em outros estudos e em azul são os novos VTs registrados a partir desta pesquisa. Fonte: A Autora, 2017.

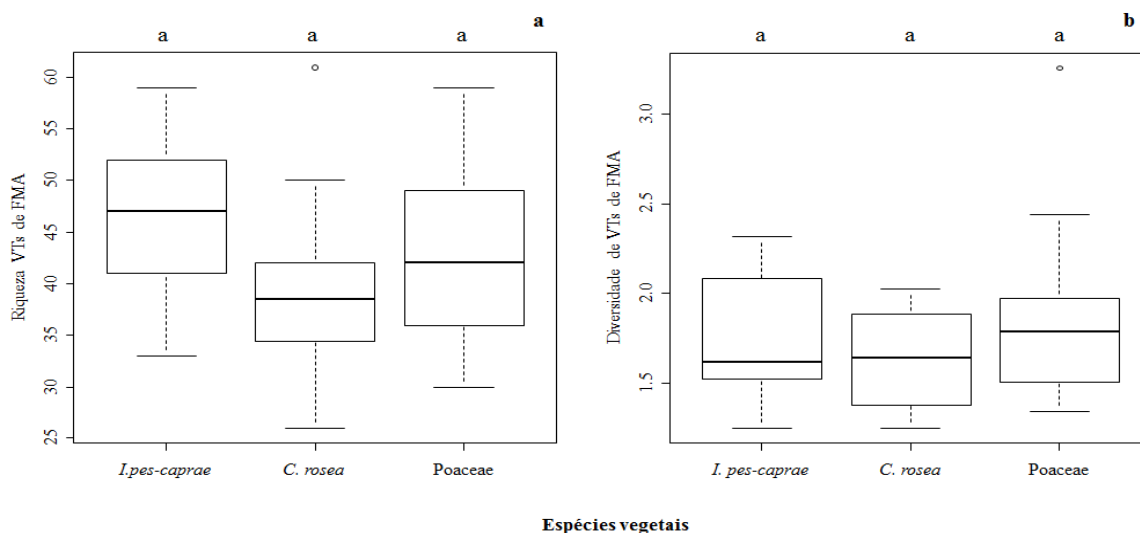
O esforço amostral não foi efetivo para detectar toda a riqueza de FMA esperada (Figura 47a) e com base na análise de extrapolação o dobro de amostras seria insuficiente para detectar todos os VTs de FMA associados a *I. pes-caprae*, *C. rosea* e espécies de Poaceae (Figura 47b). Comparando a riqueza e diversidade associada a cada espécie vegetal, não foi registrada diferença estatística com base em ANOVA (Figura 48). A riqueza total de VTs de FMA variou de 93 (em raízes de *C. rosea*) a 123 em raízes de *I. pes-caprae* e Poaceae e mesmo com número diferente de amostras, devido à não amplificação de algumas amostras de DNA, é possível observar que foi necessário maior número de raízes para recuperar a mesma riqueza de VTs de FMA associada a *I. pes-caprae* (Figura 49).

Figura 47 – Curva de acumulação de VTs de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) considerando as amostras de raízes dos três grupos vegetais estudados (a) e curva de extrapolação (b)



Fonte: A Autora, 2017.

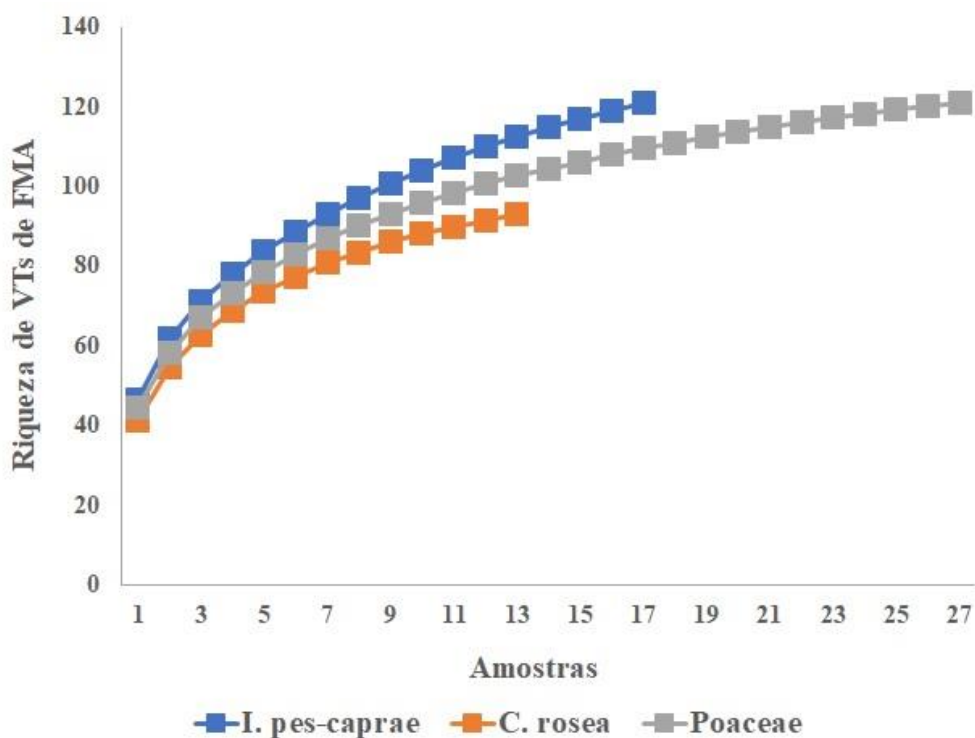
Figura 48 – Riqueza (a) e diversidade (b) de VTs de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em raízes de *Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* e espécies de Poaceae em dunas e restingas do Brasil



Mediana (traço central), quartil (box), máximo e mínimo (pontilhados) e os outliers (círculos).

Fonte: A Autora, 2017.

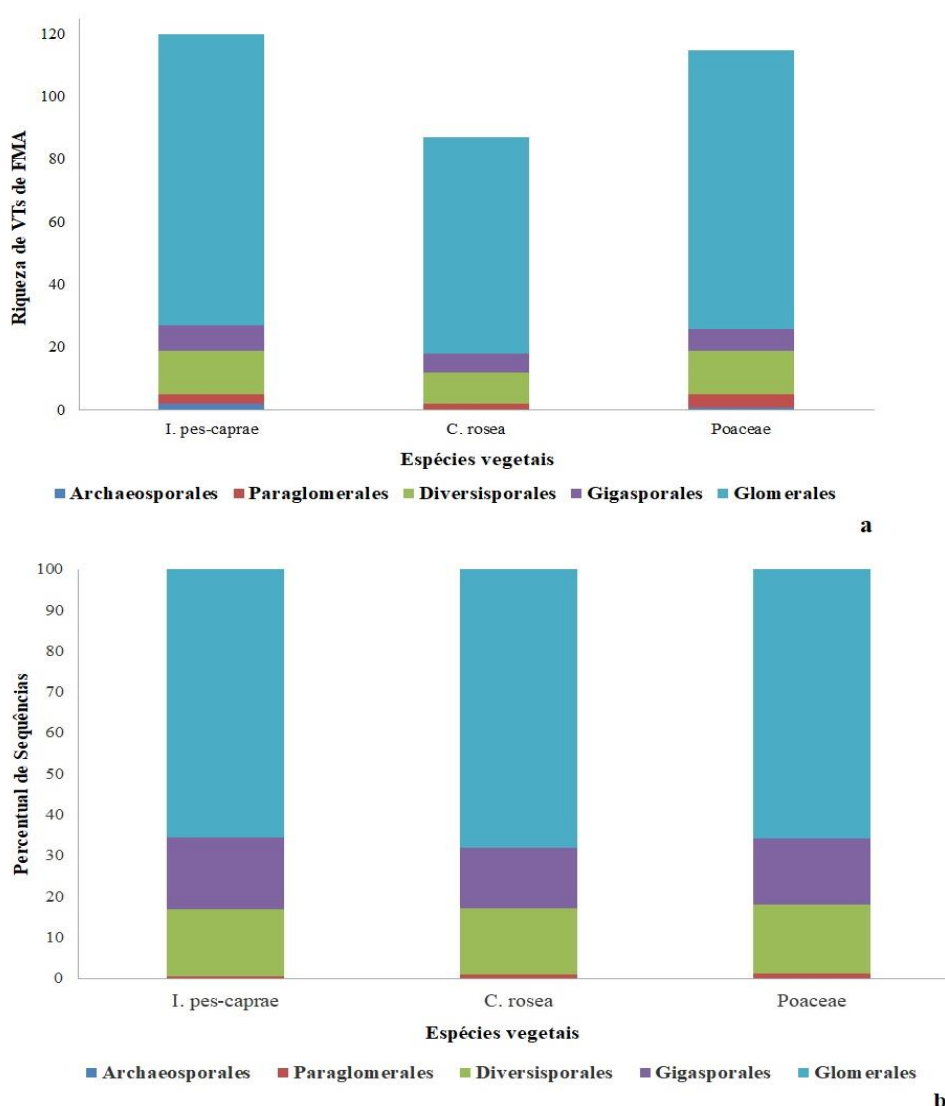
Figura 49 – Riqueza de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) colonizando raízes de cada grupo vegetal em dunas e restingas do Brasil



Fonte: A Autora, 2017.

Foi registrada maior riqueza de VTs associada a Glomerales e Diversisporales e Glomerales também se destacou com relação às sequências obtidas, seguido por Diversisporales e Gigasporales (Figura 50). Comparando os VTs de FMA entre as espécies de plantas, foi possível observar que a maioria (81 VTs representando 62% do total) foi associada a raízes dos três grupos vegetais, dez ocorreram exclusivamente em raízes de *I. pes-caprae* (um VT associado a *Archaeospora*, sete a *Glomus*, um a *Scutellospora* e um a *Paraglomus*), quatro em raízes de *C. rosea* (três VTs associados a *Glomus* e um a *Paraglomus*) e cinco foram associados a Poaceae (três representantes de *Glomus* e dois de *Paraglomus*) (Figura 51).

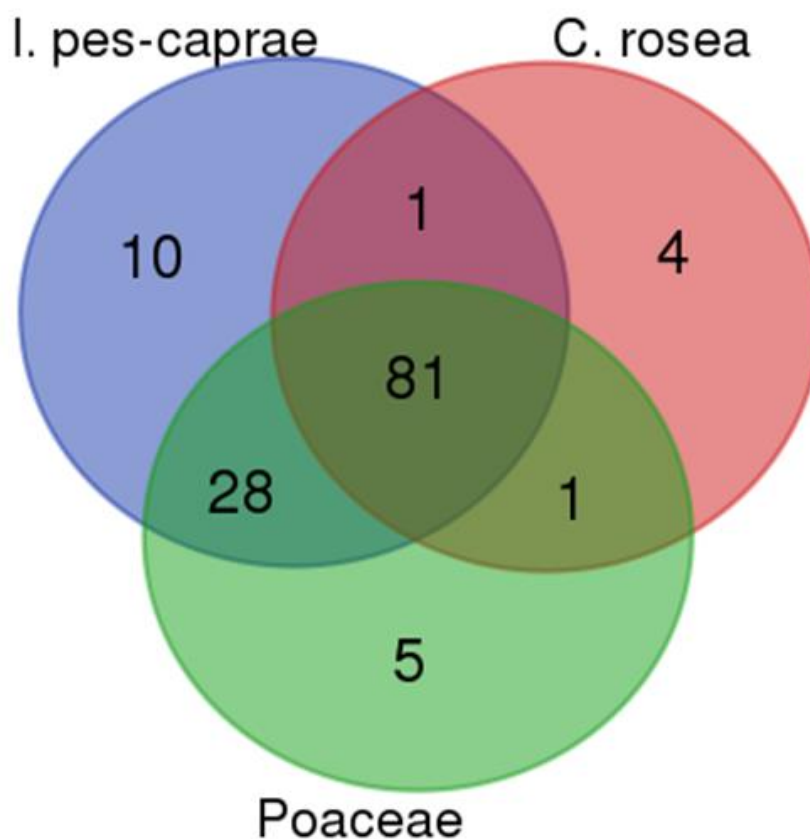
Figura 50 – Riqueza de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) (a) e percentual de sequências obtidas (b) por ordem de Glomeromycota em cada local estudado



Fonte: A Autora, 2017.

Com relação à análise de táxons indicadores, não houve nenhum VT de FMA indicador para as espécies vegetais, porém 11 VTs foram relacionadas às regiões geográficas onde o estudo foi conduzido: um VT associado a *Redeckera fulva* e um associado a *Glomus* foram indicadores para a região Nordeste, cinco VTs associados a *Glomus* foram indicadores para a região Sudeste e dois relacionados a *Diversispora* e dois a *Glomus* foram indicadores para a região Sul (Tabela 13).

Figura 51 – Diagrama de Venn mostrando o número de táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) que são únicos e compartilhados entre as diferentes espécies vegetais



Fonte: A Autora, 2017.

Tabela 13 – Táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) indicadores associados a raízes de *Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* e Poaceae ao longo de dunas e restingas, nas regiões Nordeste (NE), Sudeste (SE) e Sul (S) do Brasil

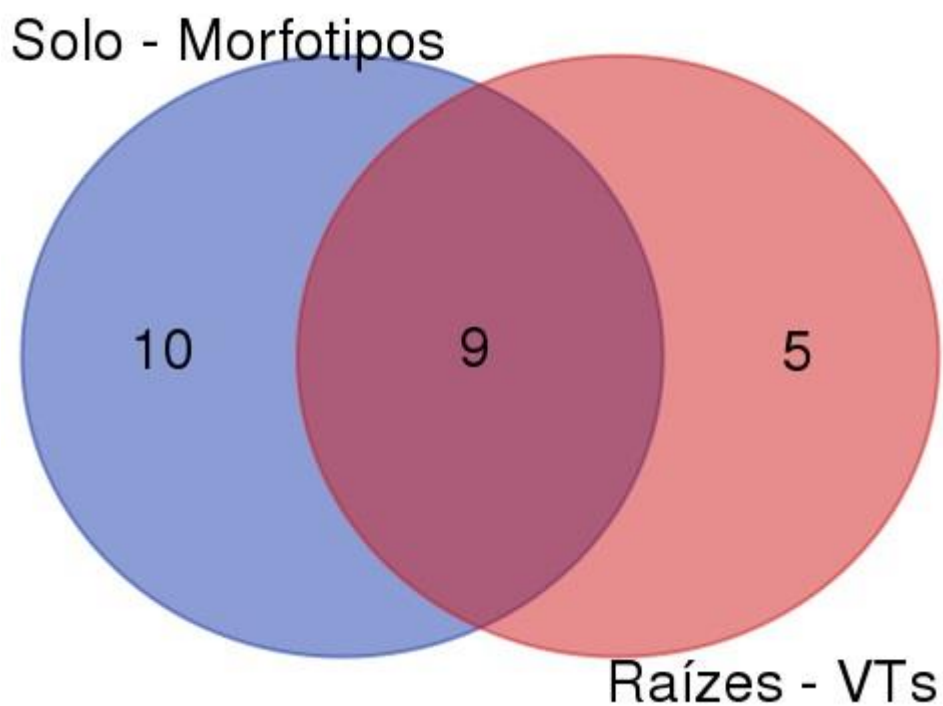
Morfoespécie de FMA	VT	Grupo	IndVal	P
<i>Redeckera fulva</i>	VT262	NE	77.7	0.028
<i>Glomus</i> sp.59	VT312	NE	94.1	0.013
<i>Glomus</i> sp.65	VT327	SE	43.9	0.020
<i>Glomus</i> sp.21	VT115	SE	41.6	0.019
<i>Glomus</i> sp.49	VT247	SE	31.6	0.037
<i>Glomus</i> sp.56	VT304	SE	49.9	0.022
<i>Glomus</i> sp.58	VT311	SE	47.9	0.009
<i>Diversispora</i> sp.6	VT356	S	42.5	0.043
<i>Diversispora</i> sp.9	INTA_3	S	24.5	0.059
<i>Glomus</i> sp.28	VT137	S	39.2	0.020
<i>Glomus</i> sp.68	VT344	S	49.5	0.002

IndVal: valor de indicação; Valores de *P* são baseados em 999 permutações. Fonte: A Autora, 2017.

2.2.5 Comparação da riqueza de morfoespécies e táxons virtuais (VTs) de fungos micorrízicos arbusculares (FMA)

Entre os 24 gêneros de Glomeromycota identificados nesse estudo com base na morfologia de glomerosporos presentes em amostras de solo e em sequências obtidas a partir de DNA extraído de amostras de raízes. Nove gêneros foram detectados nas duas abordagens (*Acaulospora*, *Claroideoglomus*, *Diversispora*, *Fuscutata*, *Gigaspora*, *Glomus*, *Racocetra*, *Rhizoglomus* e *Scutellospora*), dez foram exclusivamente identificados com base em taxonomia morfológica (*Ambispora*, *Corymbiglomus*, *Cetraspora*, *Dentiscutata*, *Entrophospora*, *Funneliformis*, *Intraornatospora*, *Paradentiscutata*, *Sclerocystis* e *Septoglomus*) e cinco registrados apenas a partir de dados moleculares (*Archaeospora*, *Orbispora*, *Paraglomus*, *Redeckera* e *Viscospora*) (Figura 52).

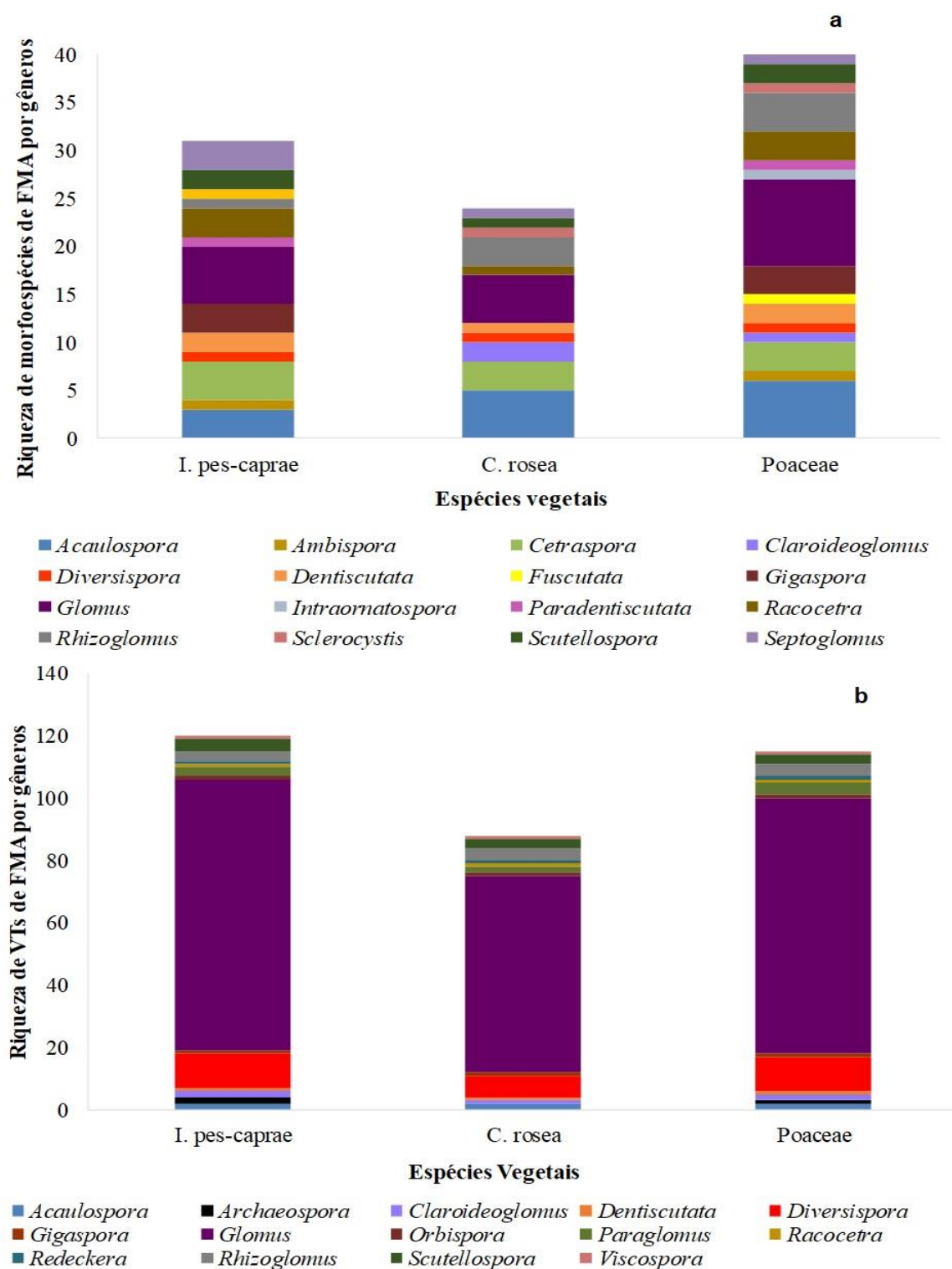
Figura 52 – Diagrama de Venn mostrando o número de gêneros únicos e compartilhados de Glomeromycota entre as amostras de solo (com base em esporos) e os identificados a partir de amostras de raízes



Fonte: A Autora, 2017.

Comparando a riqueza de espécies por gêneros no solo sob influência das espécies vegetais e associada às raízes das mesmas espécies, foi observada maior diversidade de gêneros identificados com base na taxonomia morfológica (Figura 53a), enquanto representantes de *Glomus* foram dominantes com base em sequências (Figura 53b).

Figura 53 – Perfil da comunidade de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) com base na riqueza de táxons por gêneros de Glomeromycota: (a) identificação morfológica de glomerosporos presentes nas amostras de solo; (b) identificação com base em sequências obtidas de DNA extraído de raízes

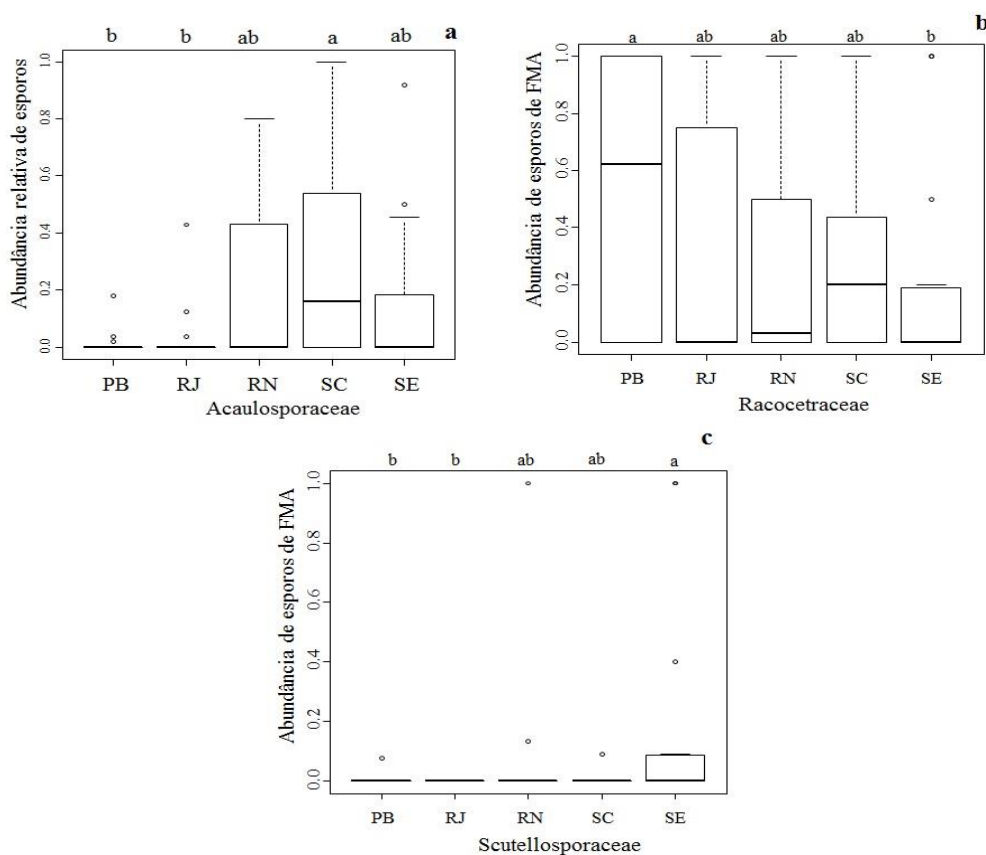


Fonte: A Autora, 2017.

2.2.6 Composição e fatores estruturadores de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) com base no banco de esporos no solo

Com base em PERMANOVA, as comunidades de FMA diferiram entre as regiões (adonis $R^2 = 0,073$, $P < 0,001$), com o Nordeste, o Sudeste e o Sul abrigando diferentes comunidades; diferenças também foram registradas entre todos os locais (adonis $R^2 = 0,117$, $P < 0,001$). A abundância de esporos de Acaulosporaceae diferiu entre locais ($F = 7,5$; $P < 0,01$), com os dados de SC diferindo de PB e RJ (Figura 54a). A abundância de esporos de Racocetraceae também diferiu entre locais ($F = 2,6$; $P < 0,05$), com os registros para PB diferindo do observado para SE (Figura 54b). Da mesma maneira, a abundância de esporos de Scutellosporaceae diferiu entre locais ($F = 4,2$; $P < 0,01$); os valores para SE foram diferentes dos registrados para PB e RJ (Figura 54c). Para as demais famílias identificadas não foram registradas diferenças estatísticas (dados não apresentados).

Figura 54 – Abundância relativa de esporos de Acaulosporaceae (a), Racocetraceae (b) e Scutellosporaceae (c) em dunas e restingas do Brasil

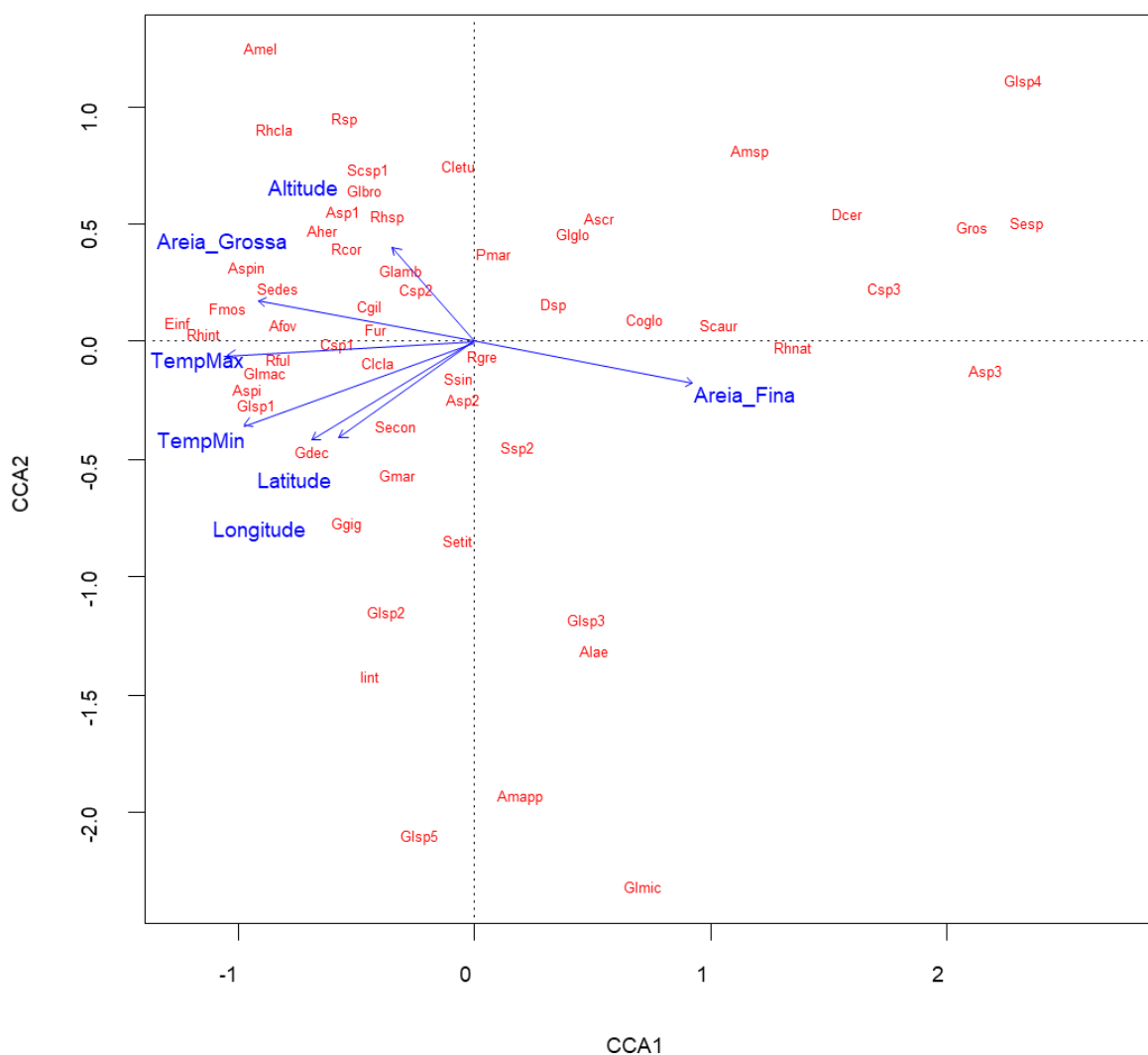


PB: Paraíba, RN: Rio Grande do Norte, SE: Sergipe, RJ: Rio de Janeiro, SC: Santa Catarina.

Fonte: A Autora, 2017.

Entre os atributos químicos e físicos do solo, o pH, CTC e carbono apresentaram 22% de correlação com a composição das comunidades de FMA identificadas, com base na análise BIOENV. Considerando os atributos do solo, dados climáticos (temperaturas mínima e máxima, precipitação acumulada anual) e dados espaciais (latitude, longitude e altitude), os principais fatores estruturadores da composição de comunidades de FMA utilizando o banco de esporos são: latitude, longitude, altitude, temperaturas mínima e máxima e teores de areia fina e areia grossa (Figura 55).

Figura 55 – Análise de correspondência canônica (CCA) da composição de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) mostrando os principais fatores relacionados a comunidades de FMA identificadas a partir do banco de esporos nos solos



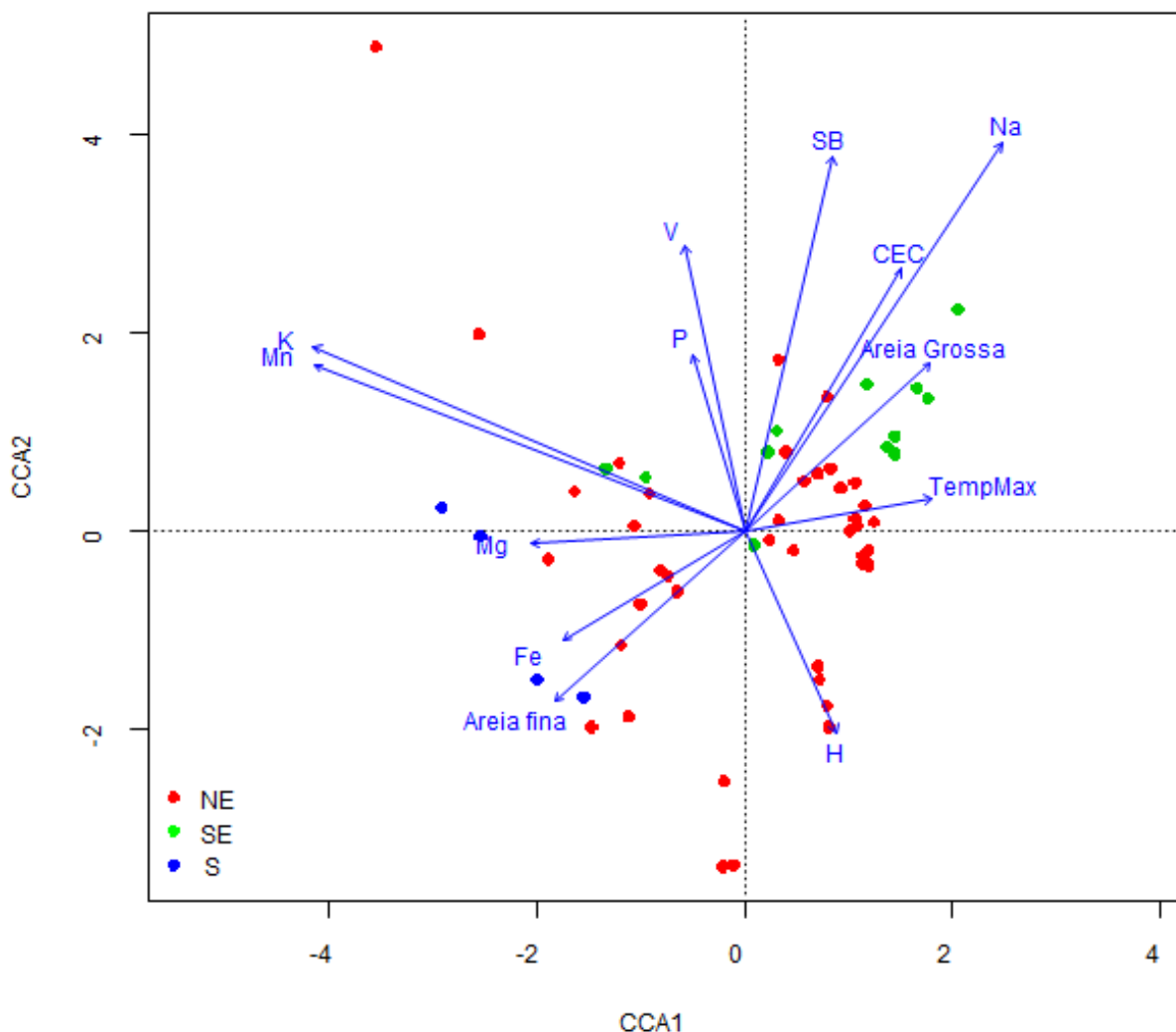
Ambispora appendicula (Amapp), *Ambispora* sp. (Amsp), *Acaulospora foveata*, *A. herrerae* (Aher), *A. laevis* (Alae), *A. mellea* (Amel), *A. scrobiculata* (Ascro), *A. spinosa* (Aspi),

Acaulospora spinosissima (Aspin), *Acaulospora* sp.1 (Asp1), *Acaulospora* sp.2 (Asp2), *Acaulospora* sp.3 (Asp3), *Cetraspora gilmorei* (Cgil), *Cetraspora* sp.1 (Csp1), *Cetraspora* sp.2 (Csp2), *Cetraspora* sp.3 (Csp3), *Claroideoglosum claroideum*, *Cl. etunicatum* (Cletu), *Corymbiglosum globiferum* (Coglo), *Dentiscutata cerradensis* (Dcer), *Dentiscutata* sp. (Dsp), *Entrophospora infrequens* (Einf), *Funneliformis mosseae* (Fmos), *Fuscutata rubra* (Frub), *Gigaspora decipiens* (Gdec), *G. gigantea* (Ggig), *G. margarita* (Gmar), *G. rosea* (Gros), *Glomus ambisporum* (Glamb), *Gl. brohultii* (Glbri), *Gl. glomerulatum* (Glglo), *Gl. macrocarpum* (Glmac), *Gl. microcarpum* (Glmic), *Glomus* sp.1 (Glsp1), *Glomus* sp.2 (Glsp2), *Glomus* sp.3 (Glsp3), *Glomus* sp.4 (Glsp4), *Glomus* sp.5 (Glsp5), *Intraornatospora intraornata* (Lint), *Paradentiscutata maritima* (Pmar), *Racocetra coralloidea* (Rcor), *R. fulgida* (Rful), *R. gregaria* (Rgre), *Racocetra* sp. (Rsp), *Rhizoglosum clarum* (Rhcl), *Rhizoglosum intraradices* (Rhin), *Rhizoglosum natalensis* (Rhnat), *Rhizoglosum* sp. (Rhsp), *Sclerocystis sinuosa* (Ssin), *Scutellospora aurigloba* (Scaur), *Scutellospora* sp.1 (Scsp1), *Scutellospora* sp.2 (Scsp2), *Septoglosum constrictum* (Secon), *Se. deserticola*, *Se. titan* (Setit), *Septoglosum* sp. (Sesp). Temperatura máxima (Temp_Max), temperatura mínima (Temp_Min). Fonte: A Autora, 2017.

2.2.7 Composição e fatores estruturadores de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) com base em sequências obtidas de DNA extraído de raízes

A composição de comunidades de FMA associada a espécies de *I. pes-caprae* (Convolvulaceae), *C. rosea* (Fabaceae) e três espécies de Poaceae (*P. racemosum*, *S. secundatum* e *Spartina* sp.) foi determinada a partir de 57 amostras de raízes representando as espécies vegetais citadas, coletadas ao longo de três regiões do Brasil (Nordeste, Sudeste e Sul). Não houve diferença na composição de comunidades de FMA associada a raízes dos três grupos vegetais (Convolvulaceae, Fabaceae e Poaceae), porém as comunidades de FMA diferiram entre as regiões geográficas Nordeste, Sudeste e Sul (adonis R2= 0.119, $P<0.001$) e entre todos locais (adonis R2= 0.196, $P<0.001$). Os principais atributos relacionados à composição de comunidades de FMA com base em sequências foram os conteúdos de manganês, potássio e sódio do solo (Figura 56).

Figura 56 – Análise de correspondência canônica (CCA) das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em dunas e restingas do Brasil entre as regiões Nordeste (NE), Sudeste (SE) e Sul (S) com base em sequências de DNA extraído de raízes

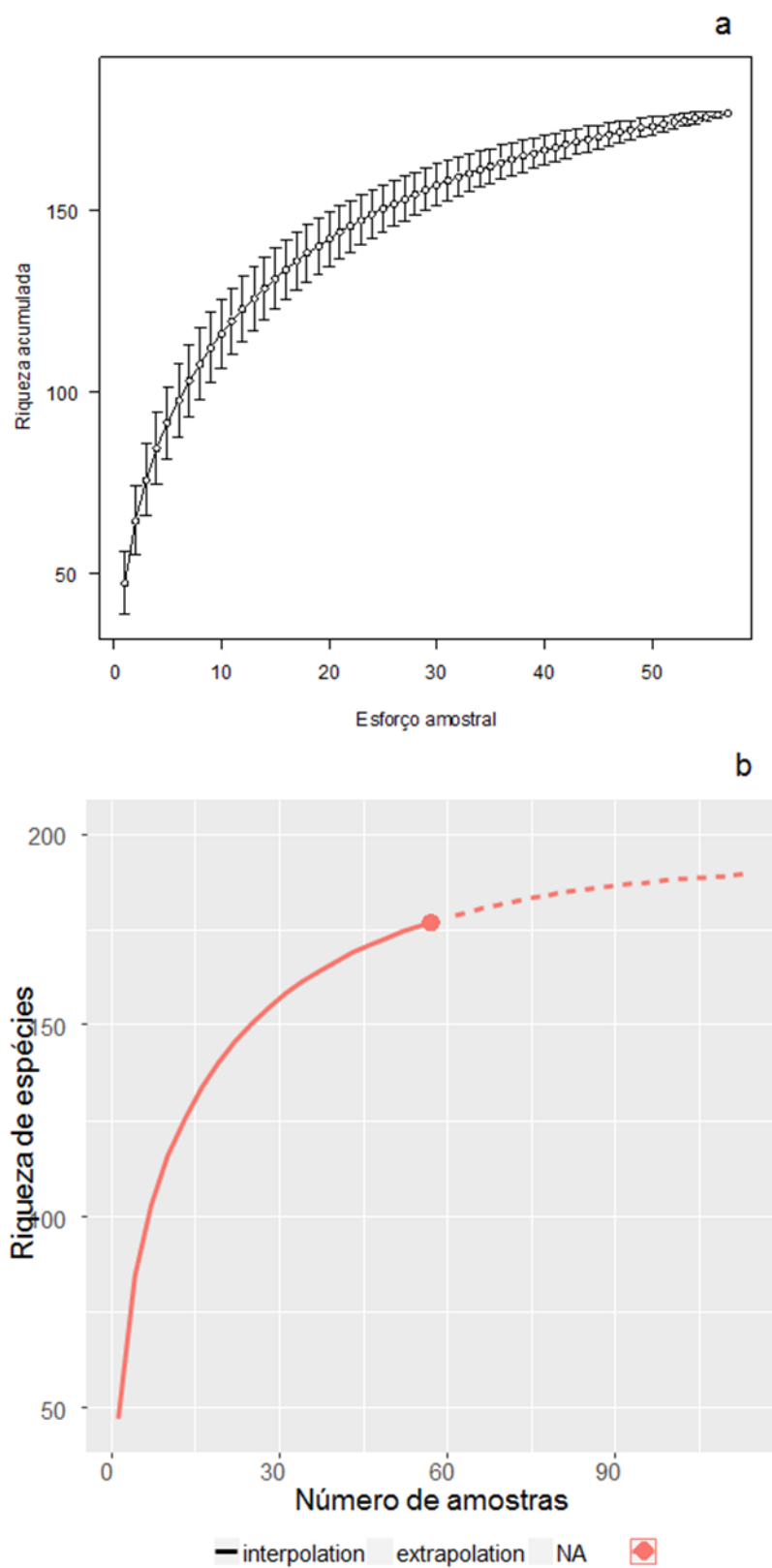


Capacidade de troca de cátions (CTC), sódio (Na), hidrogênio (H), ferro (Fe), magnésio (Mg), manganês (Mn), potássio (K), saturação por bases (V), soma de bases trocáveis (SB), Temperatura máxima (TempMax), temperatura mínima (Temp_Min). Fonte: A Autora, 2017.

2.2.8 Composição das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) a partir de dados morfológicos e moleculares

A curva de acumulação de espécies não estabilizou mesmo quando foram utilizados os dados completos baseados em taxonomia morfológica e molecular. De acordo com o estimador Jackknife 1 foi possível representar 90% da riqueza esperada (183 táxons identificados e 202 esperados) (Figura 57).

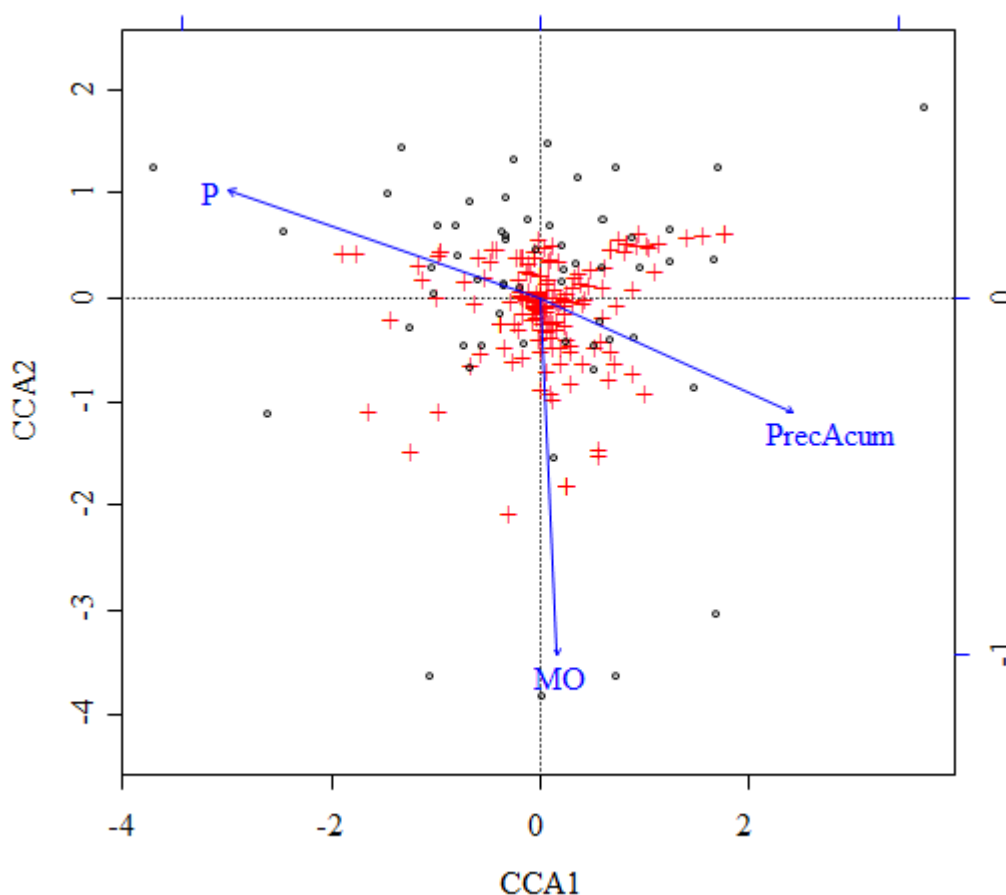
Figura 57 – Curva de acumulação de espécies de FMA (a) e curva de extrapolação (b) com base em dados morfológicos e moleculares



Fonte: A Autora, 2017.

Houve diferença na composição das comunidades de FMA entre regiões (adonis $R^2=0.055$, $P<0.05$) e entre locais (adonis $R^2=0.123$, $P<0.01$), mas a composição não diferiu entre as espécies vegetais. Os principais fatores relacionados à estruturação das comunidades de FMA foram: a precipitação acumulada, o conteúdo de fósforo e de matéria orgânica do solo (Figura 58).

Figura 58 – Análise de correspondência canônica (CCA) mostrando os principais atributos relacionados à composição de comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em dunas e restingas do Brasil com base no banco de esporos no solo e sequências de DNA extraído de raízes



Matéria orgânica (MO), precipitação acumulada (PrecAcum), fósforo (P). Fonte: A Autora, 2017.

3 DISCUSSÃO

3.1 RESTINGAS CONTINENTAIS E INSULARES: HABITATS PARA COMUNIDADES DE FMA

Neste estudo foi investigada a riqueza, diversidade e composição de comunidades de FMA em ambientes continentais e insulares do Brasil com base no banco de esporos em amostras de campo e de culturas armadilha. Como esporos são estruturas resultantes do ciclo de vida dos FMA e apresentam caracteres diagnósticos que possibilitam a identificação da espécie que os produziu, a utilização dessas estruturas é uma estratégia válida para determinação de táxons de FMA em um determinado local (DOUDS; MILLNER, 1999; LANDIS; GARGAS; GIVNISH, 2004).

Áreas insulares e continentais abrigam distintas comunidades de FMA e essas comunidades também diferem entre a maioria dos locais, sendo estruturadas por fatores edáficos, climáticos e espaciais. Estudos têm indicado que as características do solo são importantes influenciadoras desses fungos (DA SILVA et al., 2014; JANSÁ et al., 2014; OEHL et al., 2010), inclusive em áreas de dunas (DA SILVA et al., 2015a; DE ASSIS et al., 2016). Comunidades de FMA registradas em Campos Rupestres na Serra do Cipó, em Minas Gerais, Brasil, foram estruturadas pelos atributos edáficos, principalmente pela textura do solo, com a ocorrência de algumas espécies de FMA relacionadas ao teor de areia grossa (DE CARVALHO et al., 2012). Vasconcellos et al. (2013) também observaram a influência da textura do solo na ocorrência de espécies de FMA. No presente estudo, a textura do solo (teores de areia fina, grossa e argila) foi significativamente relacionada à composição de comunidades de FMA.

A riqueza de espécies de FMA recuperada a partir de amostras de campo representou 96% da riqueza identificada, porém a partir dos dados das culturas armadilha foi possível registrar algumas espécies em locais onde não tinham sido observadas a partir de amostras do campo, mostrando a importância de abordagens complementares quando se utiliza o banco de esporos para determinação da riqueza e diversidade de FMA. Como algumas espécies podem estar colonizando um hospedeiro ou ambiente, mas não estar esporulando (BEVER et al., 2001; HEMPEL; RENKER; BUSCOT, 2007; ÖPIK et al., 2003; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003; SANDERS, 2004), a utilização de vasos de cultivo é uma tentativa de estimular a esporulação para recuperação de táxons não previamente identificados ou para recuperação de esporos sadios para auxiliar a identificação (BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2011; MERGULHÃO et al., 2009).

Utilizar exclusivamente dados de culturas armadilha não é uma boa estratégia em estudos de diversidade e composição de comunidades de FMA. Bever et al. (1996) observaram que o simples emprego de métodos de cultivo não recuperou todas as espécies de FMA. Bartz et al. (2008) também sugeriram a importância de utilizar dados de campo e de cultivos em estudos sobre ocorrência de FMA. Kawahara; Ezawa (2013) observaram diferenças na composição de comunidades de FMA a partir de dados de campo e de vasos de cultivo e sugeriram que essas diferenças eram relacionadas às condições de crescimento, como temperatura, disponibilidade de água e volume do solo.

A incompatibilidade hospedeira que pode favorecer o estabelecimento e esporulação de algumas espécies de FMA, em detrimento de outras (CARRENHO; TRUFEM; BONONI, 2002; JANSÁ et al., 2002, 2014; MERGULHÃO et al., 2009; TREJO-AGUILAR et al., 2013), e a capacidade de competição e adaptação das espécies às condições de casa de vegetação e vasos de cultura (BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2011), sobretudo de táxons provenientes de áreas naturais (OHSOWSKI et al., 2014) também são possíveis explicações para a recuperação de menor riqueza de FMA a partir de dados de culturas.

Os gêneros e espécies identificados nas áreas estudadas já foram registrados em áreas de dunas e restingas (BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2011; DA SILVA et al., 2012, 2015a, 2015b; DE ASSIS et al., 2016; DE SOUZA et al., 2013; JOBIM et al., 2016a; JOBIM; GOTO, 2016b; KOSKE; GEMMA, 1997; PEREIRA et al., 2015; TRUFEM; MALATINSZKY; OTOMO, 1994). De modo geral, Glomerales e Gigasporales foram as ordens que apresentaram maior riqueza de espécies de FMA. Táxons desses gêneros têm sido relatados em áreas de dunas e restingas. Para Lekberg et al. (2007), representantes de Gigasporales apresentam preferência por solos arenosos, justificando a grande ocorrência desse grupo nas áreas de estudo. Porém, os mesmos autores sugeriram que táxons de Glomerales apresentam preferência por solos argilosos o que é contrário ao observado neste estudo e em outros desenvolvidos em áreas de dunas e Restingas (DA SILVA et al., 2015a; DE ASSIS et al., 2016; JOBIM; GOTO, 2016b).

A presença de FMA nas ilhas estudadas era esperada, uma vez que esses fungos são eficientemente dispersos (DAVISON et al., 2015), seja pela atuação de vetores abióticos (ALLEN; HIPPS; WOOLDRIDGE, 1989; HARINIKUMAR; BAGYARAJ, 1994; KOEHLER et al., 1995; KOSKE; GEMMA, 1990; MANGAN; ADLER, 2002) e/ou fatores bióticos (SCHMIDT; SCOW, 1986). Correntes marítimas podem atuar na dispersão de propágulos de FMA, considerando que esporos desses fungos podem permanecer infectivos após dias de imersão em água do mar (KOSKE et al., 1996). Além disso, os FMA também podem ser

dispersos via material vegetativo, pois se associam com espécies vegetais de ampla distribuição e que se propagam vegetativamente (por exemplo, *I. pes-caprae*), sendo uma forma eficaz de proteger os propágulos no interior de raízes e dispersar por longas distâncias.

Representantes de Glomerales têm sido referidos como ruderais (CHAGNON et al., 2013) e um estudo recente sobre a habilidade de dispersão de FMA mostrou que táxons com essas características são colonizadores rápidos de habitats sucessionais iniciais (DE LEÓN et al., 2016b). Nielsen et al. (2016) também registraram sequências relacionadas a espécies de FMA com características ruderais como colonizadores iniciais em uma ilha artificial entre a Dinamarca e a Suécia. O presente estudo e outros desenvolvidos em Restingas e dunas próximas ao mar, ambientes em sucessão inicial, confirmam a predominância de Glomerales nesses locais. Porém, a representatividade de táxons de Gigasporales (classificados como “competidores”) indica que no caso de Glomeromycota, representantes com diferentes estratégias ecológicas são selecionados para o mesmo ambiente.

No presente trabalho, o local mais distante (Ilha de Fernando de Noronha) da fonte colonizadora (áreas continentais) apresentou comunidade de FMA similar à registrada na praia do Grumari (RJ), local geograficamente mais distante da ilha referida e também não houve diferença da riqueza ou diversidade de FMA entre os locais. No estudo desenvolvido por DE LEÓN et al. (2016b) também não foi observada influência da distância da fonte de propágulos na abundância (relacionada ao número de sequências) e riqueza de FMA.

A similaridade de comunidades de FMA nos ambientes é relacionada à tolerância desses fungos às condições ambientais, contribuindo para que co-ocorram táxons com as mesmas exigências ambientais (CORNWELL; SCHWILK; ACKERLY, 2006; DAVISON et al., 2016). A similaridade de comunidades de FMA presentes no RJ (área continental na região Sudeste) e FN (ilha na região Nordeste) pode ser relacionada a alguma característica ambiental que esses locais apresentem, mas que não foi possível detectar no presente no estudo. Outras pesquisas nesses locais poderiam identificar os fatores relacionados à similaridade de comunidades de FMA presentes em uma ilha oceânica, na região Nordeste, em relação a uma praia no Sudeste do país.

3.2 COMUNIDADES DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES (FMA) AO LONGO DE UM GRADIENTE LATITUDINAL EM DUNAS E RESTINGAS DO BRASIL: UMA ABORDAGEM REGIONAL

Esse é o primeiro estudo sobre a diversidade e composição de comunidades de FMA em escala regional em dunas e restingas do Brasil e os resultados obtidos contribuem para um melhor entendimento dos padrões biogeográficos e dos fatores relacionados à estruturação de comunidades de FMA em ambientes costeiros. Optou-se pela utilização de amostras de raízes e não de solo para que fosse possível identificar as comunidades de FMA efetivamente associadas às principais espécies vegetais que ocorrem em ambientes costeiros tropicais e subtropicais (ÖPIK et al., 2003; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003; SANDERS, 2004) e juntamente com a identificação das morfoespécies, com base no banco de esporos no solo, foi possível ter uma visão mais completa das comunidades de FMA em áreas costeiras do Brasil. Com os dados obtidos, também foi observado que áreas costeiras abrigam elevada riqueza de táxons de FMA, representada pelo número de morfoespécies e VTs.

Atualmente, são reconhecidas 289 morfoespécies de FMA (GOTO; JOBIM, 2014) e a partir deste estudo foram identificados 57 táxons entre os quais 18 foram identificados em nível genérico. Com base no banco de esporos no solo, não foram registrados representantes apenas das famílias Archaeosporaceae, Pacisporaceae, Paraglomeraceae e Sacculosporaceae (quatro das 15 famílias do filo Glomeromycota); contudo, a partir de sequências foi possível identificar VTs relacionados a Archaeosporaceae e Paraglomeraceae.

São reconhecidos 352 VTs de FMA (ÖPIK et al., 2010) e neste estudo foram identificados 130 VTs (desses oito são novos) associados a raízes de *I. pes-caprae*, *C. rosea* e espécies de Poaceae, que representam os três principais grupos vegetais que ocorrem em estratos herbáceos presentes em áreas costeiras. Entre as famílias de Glomeromycota com VTs associados, não foram identificados, VTs associados a Ambisporaceae e Pacisporaceae, porém representantes de Ambisporaceae (*Ambispora appendicula* e *Ambispora* sp.) foram identificados com base em esporos do solo.

Morfoespécies de Ambisporaceae são comumente registrados em áreas de dunas e restingas (BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2011; DA SILVA et al., 2015b; JOBIM; GOTO, 2016b; TRUFEM, 1990), principalmente *Ambispora appendicula* (DA SILVA et al., 2012, 2015a; DE ASSIS et al., 2016; JOBIM; GOTO, 2016b; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013; TRUFEM, 1990), espécie que no presente trabalho foi identificada na maioria das áreas estudadas, exceto no RJ. Contudo, com base em sequências, representantes

de Ambisporaceae não têm sido identificados mesmo quando são utilizados diferentes combinações de primers para amplificar fragmentos do SSU do rDNA (JOHANSEN et al., 2015; KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002; MOORA et al., 2016; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006; YAMATO; IKEDA; IWASE, 2008) ou a partir de sequências de LSU do rDNA (KAWAHARA; EZAWA, 2013; YAMATO et al., 2012).

A não detecção de Ambisporaceae pode resultar do conjunto de primers utilizados, os quais apresentam maior homologia com sequências de alguns grupos de Glomeromycota em relação a outros. Embora os primers AML1 e AML2 desenhados por Lee; Lee; Young (2008) tenham sido propostos como forma de superar os problemas relacionados à não detecção de grupos basais quando antes se utilizava a combinação de primers NS31 (SIMON; LALONDE; BRUNS, 1992) e AM1 (HELGASON et al., 1998), o AML2 parece não apresentar 100% de homologia com sequências basais de Glomeromycota, o que possivelmente resulta na não obtenção de sequências relacionadas a esses grupos.

Não houve diferença na composição de comunidades de FMA entre os três grupos vegetais representantes das famílias Convolvulaceae, Fabaceae e Poaceae. Estudos têm sugerido que a influência da espécie hospedeira sobre os FMA é dependente do contexto; em alguns casos, os hospedeiros são fatores importantes para separação de comunidades de FMA (BECKLIN; HERTWECK; JUMPPONEN, 2012; HAZARD et al., 2013; VÁLYI; RILLIG; HEMPEL, 2014), enquanto em outros estudos não há diferença na composição de comunidades de FMA relacionada a espécies vegetais (JOHANSEN et al., 2016; SAKS et al., 2014).

De acordo com Wehner et al. (2014), espécies vegetais relacionadas tendem a compartilhar comunidades fúngicas, uma vez que as características dos hospedeiros que influenciam as interações tendem a ser filogeneticamente conservadas. Confirmando o discutido por Wehner et al. (2014), em áreas de dunas na Califórnia, duas espécies de Poaceae (*Ammophila arenaria* e *Leymus mollis*) compartilharam a maioria dos táxons de FMA identificados (JOHANSEN et al., 2016). Já no presente estudo, mais de 60% dos VTs identificados foram compartilhados entre os três grupos vegetais que apresentam relações filogenéticas distantes (ordens Solanales, Fabales e Poales) (STEVENS, 2001), então era esperado que esses grupos fossem colonizados por diferentes comunidades de FMA. Possivelmente, o biotrofismo obrigatório desses fungos e a baixa diversidade vegetal nesses ambientes sucessionais primários contribuem para que os FMA que ocorrem nesses locais sejam generalistas em termos de hospedeiros vegetais.

Estudos também têm apontado que, em ambientes em estágios de sucessão inicial, as primeiras comunidades vegetais que se estabelecem são micotróficas facultativas, mas exercem papel fundamental como multiplicadoras de propágulos fúngicos que são essenciais para a manutenção de espécies vegetais dependentes da associação micorrízica (KOSKE; GEMMA, 1997). Como *I. pes-caprae*, *C. rosea*, *P. racemosum*, *S. secundatum* e espécies de *Spartina* são pioneiras em ambientes costeiros, formam associação micorrízica, abrigam diversas comunidades de FMA, possivelmente, são de grande relevância para a sucessão ecológica, pois contribuem para que comunidades vegetais com sucessão mais tardia e dependentes da associação micorrízica possam encontrar um banco de propágulos desses fungos no solo.

As comunidades de FMA diferiram entre os locais e também entre regiões geográficas do Brasil (Nordeste, Sudeste e Sul). Esse padrão foi observado com base nas duas abordagens empregadas (taxonomia morfológica e identificação molecular), mesmo com as limitações de cada uma das abordagens (preferência dos primers por certos grupos de fungos, esporulação sazonal, etc.). Processos determinísticos, tais como heterogeneidade de habitats, fatores climáticos e diferenças na composição do solo são potenciais influenciadores de comunidades de FMA (CHASE, 2010). Além disso, processos estocásticos ligados a limite de dispersão, relação entre as taxas de colonização e extinção de táxons também exercem influência sobre as comunidades de FMA, contribuindo para as dissimilaridades ou similaridades de comunidades desses fungos entre os ambientes. E também esses processos (determinísticos e estocásticos) podem atuar juntos para a estruturação das comunidades de FMA (CHASE, 2003, 2010).

Os solos das áreas de estudo foram essencialmente arenosos, com baixo teor de matéria orgânica. Mesmo compartilhando estas características, foram observadas diferenças na composição edáfica entre locais e períodos de amostragem, mostrando a influência das características locais e temporais na composição do solo de áreas costeiras. Troelstra et al. (1990) também registraram diferenças nos atributos do solo relacionadas a fatores temporais e espaciais mesmo em microhabitats de dunas próximas. Essas diferenças mostram que ambientes costeiros são locais dinâmicos, sendo afetados pelo mar, ventos e comunidades vegetais, com esses fatores mudando ao longo dos locais, e, conseqüentemente, contribuindo para variações na composição edáfica costeira (AMARAL et al., 2016; ISERMANN, 2005).

O conteúdo de matéria orgânica e fósforo nos solos e a precipitação acumulada foram os principais fatores estruturadores da composição de comunidades de FMA (identificadas a partir de sequências e de esporos) em dunas e restingas do Brasil. Além disso, fatores espaciais (longitude, latitude e altitude) e climáticos (temperatura mínima e temperatura máxima) foram relacionados às comunidades de FMA no solo, enquanto 12 atributos edáficos, juntamente com

temperatura máxima, foram relacionados à composição de comunidades de FMA associadas às raízes vegetais.

Considerando a colonização micorrízica, a análise detalhada da colonização radicular por FMA aponta o estágio fisiológico da comunidade de FMA na raiz de uma planta específica ou em raízes de uma comunidade vegetal. A colonização micorrízica ocorre a partir de um ponto inicial de colonização, se expande e acompanha o crescimento radicular, sempre com a formação inicial de hifopódios, seguido da formação de arbúsculos, crescimento extrarradicular do micélio, e posteriormente, acúmulo de biomassa intrarradicular (vesículas, hifas e esporos) e ou extrarradicular (células auxiliares, hifas e esporos) (BONFANTE; GENRE, 2010; DE SOUZA comunicação pessoal).

No presente estudo, a colonização de raízes por FMA foi influenciada pelos hospedeiros vegetais, características locais e temporais. A colonização arbuscular representou menos de 20% do percentual de colonização micorrízica total e as maiores taxas foram registradas em raízes de *I. pes-caprae*. Embora os arbúsculos sejam estruturas chaves da simbiose, por constituir os sítios de troca de nutrientes entre os parceiros (fungo e planta), são reconhecidos como estruturas efêmeras, com a duração de ciclos de colonização variando em função da espécie vegetal. Alguns dados mostraram que a presença de arbúsculos em raízes de gramíneas era mais duradoura do que a presença dessas estruturas em raízes de outros grupos vegetais (SMITH; READ, 2008).

A porcentagem de vesículas foi mais representativa do que a taxa de colonização arbuscular, representando até 30% da colonização total. A colonização por hifas representou a maior proporção da colonização total micorrízica, alcançando aproximadamente 50% da colonização para *C. rosea* e espécies de Poaceae. Por sua vez, a porcentagem de esporos intrarradiculares alcançou 10% da colonização de raízes por FMA. Estudos sobre colonização micorrízica não têm considerado a presença de esporos, embora os FMA também formem esporos no interior de raízes (BEVER et al., 2001; MERGULHÃO et al., 2014; SIEVERDING et al., 2014).

O predomínio de vesículas e esporos indicam que a colonização está em estágio de menor atividade, porém para algumas famílias esse estágio pode representar a presença de propágulos ativos em termos de garantir a perpetuação das espécies fungicas. Já a colonização com predomínio de arbúsculos é um indicativo de fase inicial com grande transferência bilateral de recursos entre fungo e planta. Possivelmente, a esporulação intrarradicular de algumas espécies pode contribuir para a preservação desse tipo de propágulo no interior de raízes, sendo um mecanismo vantajoso em ambientes estressantes como os de dunas e restingas.

Considerando as espécies vegetais, informações sobre a taxa de colonização por FMA em raízes *I. pes-caprae* são contraditórias. Trufem; Malatinszky; Otomo (1994) não observaram colonização por FMA em raízes dessa espécie coletadas na Ilha do Cardoso, em São Paulo, enquanto Kamble; Sayed; Qureshi (2012) registraram colonização micorrízica (arbúsculos, hifas e vesículas) em *I. pes-capre* variando de 63 a 99% em dunas na Índia. Raízes de *I. pes-caprae* coletadas na Índia apresentaram mais de 60% de colonização micorrízica com a presença de arbúsculos e vesículas, enquanto raízes de *C. rosea* coletadas no mesmo local apresentaram menos de 10% de colonização (KULKARNI,; RAVIRAJA; SRIDHAR, 1997). Em espécies de *Panicum* (Poaceae), a colonização micorrízica variou de 70 a 80% (KAMBLE; SAYED; QURESHI, 2012); enquanto em raízes de *Spartina*, em dunas dos Estados Unidos, a colonização foi inferior a 40% (BURCHAM et al., 2012; GEMMA; KOSKE, 1997).

Grande variação na colonização micorrízica, considerando a mesma espécie vegetal (por exemplo, variando de 2-46%, 2-72% e 0-98%, respectivamente, em raízes de *I. pes-caprae*, *C. rosea* e espécies de Poaceae), pode estar relacionada a diferenças no estágio de colonização e também às características locais. Como a disponibilidade de propágulos infectivos no solo foi diferente entre as áreas, já era esperado que a colonização micorrízica também fosse diferente mesmo considerando a mesma espécie vegetal. Kowalchuk; De Souza; Van Veen (2002) também observaram grande variação na taxa de colonização micorrízica (20 a 80%) para *Ammophila arenaria*, uma espécie comum em áreas de dunas temperadas.

Não se registrou correlação significativa entre a porcentagem de colonização micorrízica e o número de sequências de Glomeromycota obtidas. Mesmo para as amostras com elevada taxa de colonização radicular por FMA (>60%), não foi possível amplificar o DNA. É possível que a forma de armazenamento das amostras (álcool 70% e a -20 °C) não tenha sido adequada para preservação do DNA. O álcool pode ter contribuído para o enrijecimento das células o que pode ter dificultado a lise celular e, conseqüente, problemas de extração do DNA.

As ordens mais representativas em número de espécies foram Glomerales e Gigasporales. Representantes dessas ordens são comuns em dunas e restingas (DA SILVA et al., 2015b; JOHANSEN et al., 2016; KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013; YAMATO et al., 2012). Táxons de Glomerales têm sido reconhecidos como colonizadores iniciais (DE LEÓN et al., 2016a; MARTÍNEZ-GARCÍA et al., 2015), sendo comumente registrados em diferentes ecossistemas, desde áreas naturais (RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017), agrossistemas (OEHL et al., 2003) até áreas degradadas (TIAN et

al., 2009) mostrando ampla distribuição e adaptação a diferentes condições ambientais e climáticas.

A dominância de *Glomus* nas raízes pode ser relacionada à estratégia ecológica desse grupo de fungos que são caracterizados por apresentar maior colonização dentro de raízes do que no solo (HART; READER, 2002). Além disso, esses fungos podem apresentar mecanismos biológicos que contribuem para o sucesso na associação com raízes e, assim, influenciar negativamente a colonização de outros grupos de Glomeromycota (WERNER; KIERS, 2014). Já a maior diversidade de táxons do que dominância, com base em taxonomia morfológica, pode ser relacionada ao fato do banco de glomerosporos no solo representam um acumulado de um período até o momento da análise, enquanto os dados obtidos com base em abordagens moleculares podem ser comparados a uma foto instantânea tirada em um momento específico no tempo e no espaço.

Gigasporales é um grupo que pode ser considerado de alta adaptação ecológica (PAGANO; ZANDEVALLI; ARAÚJO, 2013), bem representado em dunas e restingas (DA SILVA et al., 2015a; JOBIM; GOTO, 2016b; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013) e também com distribuição em ambientes semiáridos (PAGANO; ZANDEVALLI; ARAÚJO, 2013) e em áreas de floresta Atlântica sob diferentes usos (PEREIRA et al., 2014). Segundo Chagnon et al. (2013), essa alta adaptação, possivelmente, é relacionada à habilidade competitiva atrelada à boa relação com os hospedeiros vegetais, pois graças ao grande investimento em micélio extrarradicular disponibilizariam mais recursos nutricionais (como fósforo) aos seus hospedeiros e em troca seriam bem recompensados com carbono (CHAGNON et al., 2013).

Um fato bastante curioso e não esperado foi relacionado à riqueza de *Paraglomus* registrada no presente estudo: seis VTs de *Paraglomus* foram identificados entre os quais quatro são novos. Entre os estudos sobre FMA em áreas de dunas, com base em dados moleculares (JOHANSEN et al., 2016; KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA; FREITAS, 2006; YAMATO et al., 2012; YAMATO; IKEDA; IWASE, 2008), apenas Kawahara; Ezawa (2013) identificaram sequências relacionadas a *Paraglomus*. Com base em bancos de esporos presentes no solo, espécies desse gênero foram registradas em áreas de dunas (BEENA et al., 2000; BLASZKOWSKI, 1993; DE SOUZA et al., 2013; KULKARNI,; RAVIRAJA; SRIDHAR, 1997).

Ainda sobre os táxons identificados, *Cetraspora* sp.1 (indicadora para SE), *Cetraspora* sp.3 (indicadora para SC), *Dentiscutata* sp. (indicadora para a região Sul) e *Scutellospora* sp.1 (indicadora para o Sudeste) são possíveis novas espécies para a ciência. Táxons virtuais

relacionados a *Diversispora epigaea*, *Rhizoglosum manihots*, *R. profilferum*, *Orbispora projecturata* e *Viscospora viscosa* foram pela primeira vez identificados em amostras coletadas em áreas de dunas e restingas.

Acaulospora scrobiculata (indicadora para o Sul) é uma espécie amplamente distribuída e já foi registrada em todas as regiões do país (DA SILVA et al., 2015a; STÜRMER; STÜRMER; PASQUALINI, 2013; TRUFEM, 1990) e em diferentes áreas de dunas (JOHANSEN et al., 2016; KOSKE; GEMMA, 1997). *Corymbiglomus globiferum* (também indicadora para o Sul) é de ampla ocorrência em ambientes costeiros (DA SILVA et al., 2015a; JOHANSEN et al., 2016). *Redeckera fulva* (indicadora para o Nordeste) já foi registrada em áreas de dunas no Rio Grande do Norte (JOBIM et al., 2016b).

Sequências relacionadas a *Rhizoglosum intraradices* foram obtidas de raízes de *I. pescaprae* e *Vigna marina* (Fabaceae) em uma duna insular no Japão (YAMATO; IKEDA; IWASE, 2008). *Gigaspora rosea* e *Racocetra coralloidea* são espécies já referidas para áreas de dunas (DA SILVA et al., 2015a; DE ASSIS et al., 2016; JOHANSEN et al., 2016). Sequências relacionadas a *Diversispora spurca* e *Racocetra castanea* foram associadas a raízes de *Ammophila arenaria* em dunas na Holanda (KOWALCHUK; DE SOUZA; VAN VEEN, 2002).

4 CONSIDERAÇÕES GERAIS

Em escala regional, solos de dunas e restingas do Brasil abrigam grande diversidade taxonômica (espécies), filogenética (famílias) e diversificadas comunidades de FMA que são estruturadas por fatores edáficos, climáticos e espaciais. Esses fatores contribuem para as dissimilaridades de comunidades de FMA entre regiões geográficas (Nordeste, Sudeste e Sul) e ambientes (continentais e insulares), enquanto grupos vegetais, mesmo com relações filogenéticas distantes (ordens diferentes), compartilham similares comunidades de Glomeromycota. Assim, esses dados confirmam a falta de especificidade hospedeira dos FMA nessas áreas e também indicam a falta de preferência de grupos vegetais pioneiros por comunidades de Glomeromycota.

Embora espécies vegetais pioneiras geralmente sejam micotróficas facultativas, no presente estudo foi registrado que *Ipomoea pes-caprae*, *Canavalia rosea* e espécies de Poaceae se associam com FMA graças a observação de arbúsculos (indicativos que a colonização está ativa em termos de troca de serviços entre a planta e o fungo), vesículas e outras estruturas de reserva que refletem uma colonização em estágio mais avançado, de menor atividade, além de constituir estruturas propagativas para alguns grupos de FMA. As espécies vegetais citadas abrigam diversas comunidades de FMA e são potenciais multiplicadoras de propágulos fúngicos em áreas costeiras, sendo de grande relevância para a sucessão ecológica, uma vez que preparam o ambiente para espécies que são dependentes da associação micorrízica.

A utilização de técnicas de ecologia microbiana baseadas na análise das espécies a partir de banco de esporos, culturas armadilha e identificação molecular (utilizando ácidos nucleicos extraídos de raízes de plantas) para determinação de táxons de FMA é relevante considerando que esses fungos apresentam diferentes estratégias de propagação. Assim, a combinação de diferentes métodos propicia uma melhor representação da diversidade de Glomeromycota em um ambiente. Contudo, é importante salientar que mesmo com as limitações de cada uma das abordagens (preferência dos primers por certos grupos de fungos, preferencial amplificação relacionada a abundância de genes alvos, esporulação sazonal, etc), no presente estudo, as comunidades de FMA identificadas no solo e nas raízes apresentaram o mesmo padrão independente da análise, com comunidades de FMA diferindo principalmente entre as regiões (Nordeste, Sudeste e Sul) e os locais.

No total foram identificadas 59 morfoespécies no solo e 130 táxons virtuais de FMA colonizando raízes de *I. pes-caprae*, *C. rosea* e espécies de Poaceae. Os táxons identificados se distribuem em todas as classes e ordens de Glomeromycota, representando 12 famílias, 24

gêneros e possíveis novas espécies pertencentes aos gêneros: *Ambispora*, *Archaeospora*, *Acaulospora*, *Cetraspora*, *Claroideoglossum*, *Dentiscutata*, *Glomus*, *Paraglossum*, *Racocetra*, *Rhizoglossum*, *Scutellospora* e *Septoglossum*. A partir deste estudo também foi possível identificar sequências relacionadas a espécies ainda não identificadas em áreas de dunas e restingas (*Diversispora epigaea*, *Orbispora projecturata*, *Rhizoglossum manihotis*, *R. profilferum* e *Viscospora viscosa*).

Mesmo com a grande representatividade de táxons de Glomeromycota e grande esforço amostral empregado, não foi possível recuperar toda a riqueza de FMA esperada para áreas costeiras do Brasil. Esses dados indicam que esses ambientes são reservatórios de diversidade de Glomeromycota, abrigando táxons de FMA generalistas, que apresentam ampla distribuição e ocorrem em diferentes ecossistemas, mas também espécies ainda desconhecidas para a ciência, principalmente de gêneros (como *Paraglossum*) não comumente registrados em áreas de dunas do Brasil. Assim, estudos futuros com objetivo de determinar as comunidades de FMA em áreas costeiras não estudadas podem contribuir para identificação e descrição de novos táxons de FMA, ampliando o conhecimento sobre a diversidade de espécies desse importante grupo de fungos.

Considerando o papel desempenhado pelos FMA para manutenção terrestres e estabilização dos ecossistemas, diversificação e processos sucessionais de comunidades vegetais, é prioritária a criação de estratégias de conservação mais eficazes que considerem a manutenção não só das comunidades biológicas acima do solo (como animais e vegetais), mas também das comunidades microbianas associadas. A conservação dos recursos biológicos é uma forma de garantir a manutenção da biodiversidade e dos serviços ecossistêmicos e no mundo existe apenas um local que preserva a diversidade de FMA *in situ* (TURRINI et al., 2008); enquanto que, no Brasil não há unidades destinadas a conservação de FMA. Assim, espera-se que os dados sobre comunidades de FMA no Brasil, bem como dados de outros estudos, possam ser utilizados como subsídios para futura criação de áreas de conservação eficazes para manutenção da diversidade desses fungos e dos seus hospedeiros vegetais para garantir a manutenção dos serviços ecossistêmicos costeiros, locais de grande importância econômica.

REFERÊNCIAS

- AGRITEMPO. **Sistema de monitoramento agrometeorológico**. Dados disponíveis em: <<http://www.agritempo.gov.br>>. Acesso em: 01 nov. 2016.
- ALLEN, M. F.; HIPPS, L. E.; WOOLDRIDGE, G. L. Wind dispersal and subsequent establishment of VA mycorrhizal fungi across a successional arid landscape. **Landscape Ecology**, v. 2, n. 3, p. 165–171, 1989.
- ÁLVAREZ-MOLINA, L. L. et al. Biological flora of coastal dunes and wetlands: *Palafoxia lindenii* A. Gray. **Journal of Coastal Research**, v. 29, n. 3, p. 680–693, 2013.
- AMARAL, A. C. Z. et al. Brazilian sandy beaches: characteristics, ecosystem services, impacts, knowledge and priorities. **Brazilian Journal of Oceanography**, v. 64, p. 5–16, 2016.
- AMES, R. N.; LINDERMAN, R. G. *Archaeospora trappei* sp. nov. **Mycotaxon**, v. 3, n. 3, p. 565–569, 1976.
- AN, G. H. et al. Community structure of arbuscular mycorrhizal fungi associated with pioneer grass species *Miscanthus sinensis* in acid sulfate soils: habitat segregation along pH gradients. **Soil Science and Plant Nutrition**, v. 54, n. 4, p. 517–528, 2008.
- APAC. **Agência Pernambucana de Águas e Clima**. Dados disponíveis em: <<http://www.apac.pe.gov.br/>>. Acesso em: 01 nov. 2016.
- ARAÚJO, C. V. M. et al. Micorriza arbuscular em plantações de *Eucalyptus cloeziana* F. Muell no litoral norte da Bahia, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 18, n. 3, p. 513–520, 2004.
- BAAS BECKING, L. G. M. **Geobiologie of inleiding tot de milieukunde**. The Hague, the Netherlands: W.P. Van Stockum & Zoon (in Dutch), 1934.
- BÁLINT, M. et al. Millions of reads, thousands of taxa: microbial community structure and associations analyzed via marker genes. **FEMS microbiology reviews**, v. 6, n. 24, p. 189–96, 2016.
- BARBIER, E.; HACKER, S.; KENNEDY, C. The value of estuarine and coastal ecosystem services. **Ecological Monographs**, v. 81, n. 2, p. 169–193, 2011.
- BARTZ, M. L. C. et al. Comparação entre as técnicas de amostragem direta em campo e cultura-armadilha para mensuração da diversidade de espécies de fungos micorrízicos arbusculares. **Hoehnea**, v. 35, n. 1, p. 159–164, 2008.
- BECKLIN, K. M.; HERTWECK, K. L.; JUMPPONEN, A. Host identity impacts rhizosphere fungal communities associated with three Alpine plant species. **Microbial Ecology**, v. 63, n. 3, p. 682–693, 27 abr. 2012.
- BEENA, K. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi on the coastal sand dunes of the

- west coast of India. **Current Science**, v. 79, n. 25, p. 1459–1466, 2000.
- BEENA, K. R. et al. Association of arbuscular mycorrhizal fungi with plants of coastal sand dunes of west coast of India. **Tropical Ecology**, v. 42, n. 2, p. 213–222, 2001.
- BENNETT, A. E. et al. Arbuscular mycorrhizal fungal networks vary throughout the growing season and between successional stages. **PLoS ONE**, v. 8, n. 12, 2013.
- BEVER, J. D. et al. Host-dependent sporulation and species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a mown grassland. **The Journal of Ecology**, v. 84, n. 1, p. 71–82, 1996.
- BEVER, J. D. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi: more diverse than meets the eye, and the ecological tale of why. **BioScience**, v. 51, n. 11, p. 923–932, 2001.
- BIDARTONDO, M. I. et al. The dawn of symbiosis between plants and fungi. **Biology Letters**, v. 7, n. 4, p. 574–577, 2011.
- BIERMANN, B. J.; LINDERMAN, R. G. Increased geranium growth using pretransplant inoculation with a mycorrhizal fungus. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 108, n. 6, p. 972–976, 1983.
- BIK, H. M. et al. Sequencing our way towards understanding global eukaryotic biodiversity. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 27, n. 4, p. 233–243, 2012.
- BLASZKOWSKI, J. The occurrence of arbuscular fungi and mycorrhizae (Glomales) in plant communities of maritime dunes and shores of Poland. **Bulletin of the Polish Academy of Sciences Biological Sciences**, v. 41, p. 377–392, 1993.
- BŁASZKOWSKI, J.; CZERNIAWSKA, B. The occurrence of arbuscular mycorrhizal fungi of the phylum Glomeromycota in Israeli soils. **Acta Societatis Botanicorum Poloniae**, v. 75, n. 4, p. 339–350, 2006.
- BŁASZKOWSKI, J.; CZERNIAWSKA, B. Arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) associated with roots of *Ammophila arenaria* growing in maritime dunes of Bornholm (Denmark). **Acta Societatis Botanicorum Poloniae**, v. 80, n. 1, p. 63–76, 2011.
- BŁASZKOWSKI, J.; CHWAT, G. *Septoglomus deserticola* emended and new combinations in the emended definition of the family Diversisporaceae. **Acta Mycologica**, v. 48, n. 1, p. 89–103, 2013.
- BLASZKOWSKI, J. et al. Two new genera, *Dominikia* and *Kamienskia*, and *D. disticha* sp. nov. in Glomeromycota. **Nova Hedwigia**, v. 102, n. 3–4, p. 391–397, 2014.
- BŁASZKOWSKI, J. et al. *Rhizophagus natalensis*, a new species in the Glomeromycota. **Mycotaxon**, v. 129, n. 1, p. 97–108, 2014.
- BONFANTE, P.; GENRE, A. Mechanisms underlying beneficial plant-fungus interactions in mycorrhizal symbiosis. **Nature communications**, v. 1, n. 48, p. 1–11, 2010.

BRASIL. Lei n. 12.651, de 25 de maio de 2012. Dispõe sobre a proteção da vegetação nativa; [...]; e dá outras providências. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Poder Executivo, Brasília. Acesso em: 10 de maio de 2015.

BRUNDRETT, M. C. Mycorrhizal associations and other means of nutrition of vascular plants: Understanding the global diversity of host plants by resolving conflicting information and developing reliable means of diagnosis. **Plant and Soil**, v. 320, n. 1–2, p. 37–77, 2009.

BURCHAM, A. K. et al. Arbuscular mycorrhizae occur in common *Spartina* species. **Gulf of Mexico Science**, v. 30, n. 1–2, p. 14–19, 2012.

CAMPOS, J. B. **O uso da terra e as ameaças ao Patrimônio Arqueológico na Região Litorânea dos municípios de Araranguá e Içara, Sul de Santa Catarina**. Dissertação (Mestrado em Ciências Ambientais) – Universidade do Extremo Sul Catarinense, Criciúma. 115 p., 2010.

CAMPRUBÍ, A. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi associated with psammophilic vegetation in Mediterranean coastal sand dunes. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v. 8, p. 96–102, 2010.

CARRENHO, R.; TRUFEM, S.; BONONI, V. Fungos micorrízicos arbusculares em rizosferas de três espécies de fitobiontes instaladas em área de mata ciliar revegetada. **Acta Botanica Brasílica**, v. 15, n. 1, p. 115–124, 2001.

CARRENHO, R.; TRUFEM, S. F. B.; BONONI, V. L. R. Effects of using different host plants on the detected biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi from an agroecosystem. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 25, n. 1, p. 93–101, 2002.

CARVALHO, M. C. D. C. G. DE; SILVA, D. C. G. DA. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. **Ciência Rural**, v. 40, n. 3, p. 735–744, 2010.

CASTELLANI, T. T.; SANTOS, F. A. M. DOS. Fatores de risco à produção de sementes de *Ipomoea pes-caprae*. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 3, p. 773–783, 2005.

CHAGNON, P. L. et al. A trait-based framework to understand life history of mycorrhizal fungi. **Trends in Plant Science**, v. 18, n. 9, p. 484–491, 2013.

CHAO, A.; WANG, Y. T.; JOST, L. Entropy and the species accumulation curve: a novel entropy estimator via discovery rates of new species. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 4, n. 11, p. 1091–1100, 2013.

CHASE, J. M. Community assembly: when should history matter? **Oecologia**, v. 136, n. 4, p. 489–498, 2003.

CHASE, J. M. Stochastic community assembly causes higher biodiversity in more productive environments. **Science**, v. 328, n. 5984, p. 1388–1391, 2010.

- CHEN, Y. et al. Genetic variation in island and mainland populations of *Ficus pumila* (Moraceae) in eastern Zhejiang of China. **Symbiosis**, v. 45, n. 1–3, p. 37–44, 2008.
- CICCARELLI, D.; BACARO, G.; CHIARUCCI, A. Coastline dune vegetation dynamics: evidence of no stability. **Folia Geobotanica**, v. 47, n. 3, p. 263–275, 2012.
- CLAPP, J. P.; FITTER, A. H.; YOUNG, J. P. W. Ribosomal small subunit sequence variation within spores of an arbuscular mycorrhizal fungus, *Scutellospora* sp. **Molecular Ecology**, v. 8, n. 6, p. 915–921, jun. 1999.
- CLARKE, K. R.; AINSWORTH, M. A method of linking multivariate community structure to environmental variable. **Marine Ecology Progress Series**, v. 92, p. 205–219, 1993.
- CLARKE, K. R.; GORLEY, R. N. **Primer v6: user manual/tutorial**. PRIMER-E, Plymouth, 2006.
- COGLIATTI-CARVALHO, L.; ROCHA, C. F. D. Spatial distribution and preferential substrate of *Neoregelia johannis* (Carrière) L.B. Smith (Bromeliaceae) in a disturbed area of Atlantic Rainforest at Ilha Grande, RJ, Brazil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 24, n. 4, p. 389–394, 2001.
- CORDANI, U. G. Idade do vulcanismo no Oceano Atlântico Sul. **Boletim IGA**, v. 1, n. 1, p. 9–75, 1970.
- CORDAZZO, C. O efeito de *Panicum racemosum* x *Spartina ciliata* na formação das dunas costeiras frontais no extremo sul do Brasil. **Gravel**, v. 7, n. 1, p. 13–17, 2009.
- CORDAZZO, C. V.; DAVY, A. J. Seed production and seed quality of the dune building grass *Panicum racemosum* Spreng. **Acta Botanica Brasilica**, v. 8, n. 2, p. 193–203, 1994.
- CORDAZZO, C. V.; STURMER, S. L. Ocorrência de fungos micorrízicos arbusculares em *Panicum racemosum* (P. Beauv.) Spreng (Poaceae) em dunas costeiras do extremo sul do Brasil. **Atlântica**, v. 29, n. 1, p. 65–68, 2007.
- CORKIDI, L.; RINCÓN, E. Arbuscular mycorrhizae in a tropical sand dune ecosystem on the Gulf of Mexico. **Mycorrhiza**, v. 7, n. 1, p. 17–23, 1997.
- CORNWELL, W. K.; SCHWILK, D. W.; ACKERLY, D. D. A trait-based test for habitat filtering: convex hull volume. **Ecology**, v. 87, n. 6, p. 1465–1471, 2006.
- COSTA, C. S. B.; SEELIGER, U.; CORDAZZO, C. V. Leaf demography and decline of *Panicum racemosum* populations in coastal foredunes of southern Brazil. **Canadian Journal of Botany**, v. 69, p. 1593–1599, 1991.
- COUTINHO, L. M. O conceito de bioma. **Acta Botanica Brasilica**, v. 20, n. 1, p. 13–23, 2006.
- CUI, X. et al. Reclamation negatively influences arbuscular mycorrhizal fungal community structure and diversity in coastal saline-alkaline land in Eastern China as revealed by Illumina

- sequencing. **Applied Soil Ecology**, v. 98, p. 140–149, 2016.
- D'CUNHA, M.; SRIDHAR, K. R. Seasonal periodicity of arbuscular mycorrhizal fungi in wild legume *Canavalia maritima* of the coastal sand dunes. **Mycorrhiza News**, v. 21, n. 2, p. 7–12, 2009.
- D'CUNHA, M.; SRIDHAR, K. R. Micropropagation of the wild legume *Canavalia rosea* (Sw.) DC. from coastal sand dunes. **Biological Letters**, v. 48, n. 1, p. 85–96, 2011.
- DA SILVA, F. C. et al. **Análises químicas para avaliação da fertilidade do solo**. In: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. 212 p., 1997.
- DA SILVA, D.K.A. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in restinga and dunes areas in Brazilian Northeast. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 9, p. 2361–2373, 2012.
- DA SILVA, D. K. A. et al. Communities of arbuscular mycorrhizal fungi on a vegetation gradient in tropical coastal dunes. **Applied Soil Ecology**, v. 96, p. 7–17, 2015a.
- DA SILVA, D. K. A. et al. The community of arbuscular mycorrhizal fungi in natural and revegetated coastal areas (Atlantic Forest) in northeastern Brazil. **Biodiversity and Conservation**, v. 24, n. 9, p. 2213–2226, 2015b.
- DA SILVA, I. R. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi along an environmental gradient in the Brazilian semiarid. **Applied Soil Ecology**, v. 84, p. 166–175, 2014.
- DANIELL, T. et al. Molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi colonising arable crops. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 36, n. 2, p. 203–209, 2001.
- DAS, A.; VARMA, A. Symbiosis: the art of living. In: VARMA, A.; AMIT C. KHARKWA (Eds.). **Symbiotic fungi**. Springer Berlin Heidelberg, p. 1–28, 2009.
- DAVISON, J. et al. Arbuscular mycorrhizal fungal communities in plant roots are not random assemblages. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 78, n. 1, p. 103–115, 2011.
- DAVISON, J. et al. Communities of arbuscular mycorrhizal fungi detected in forest soil are spatially heterogeneous but do not vary throughout the growing season. **PLoS ONE**, v. 7, n. 8, p. 1–8, 2012.
- DAVISON, J. et al. Global assessment of arbuscular mycorrhizal fungus diversity reveals very low endemism. **Science**, v. 349, n. 6251, p. 970–973, 2015.
- DAVISON, J. et al. Hierarchical assembly rules in arbuscular mycorrhizal (AM) fungal communities. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 97, p. 63–70, 2016.
- DE ALMEIDA JR., E. B.; ZICKEL, C. S. Fisionomia psamófila-reptante: riqueza e composição de espécies na Praia da Pipa, Rio Grande do Norte, Brasil. **Pesquisas, Botânica**, v. 60, p. 289–299, 2009.
- DE ASSIS, D. M. A. et al. Community structure of arbuscular mycorrhizal fungi in fluvial and

- maritime dunes of Brazilian Northeast. **Applied Soil Ecology**, v. 108, p. 136–146, 2016.
- DE CARVALHO, F. et al. The mosaic of habitats in the high-altitude Brazilian rupestrian fields is a hotspot for arbuscular mycorrhizal fungi. **Applied Soil Ecology**, v. 52, n. 1, p. 9–19, 2012.
- DE LA PEÑA, E. et al. Mechanism of control of root-feeding nematodes by mycorrhizal fungi in the dune grass *Ammophila arenaria*. **New Phytologist**, v. 169, n. 4, p. 829–840, 2006.
- DE LEÓN, D. G. et al. Symbiont dynamics during ecosystem succession: co-occurring plant and arbuscular mycorrhizal fungal communities. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 92, n. 7, 2016a.
- DE LEÓN, D. G. et al. Dispersal of arbuscular mycorrhizal fungi and plants during succession. **Acta Oecologica**, v. 77, p. 128–135, 2016b.
- DE MENDIBURU, F. **Agricolae: statistical procedures for agricultural research**. R package version 1.0-7. Vienna, Austria: The R Foundation for Statistical Computing, 2009.
- DE SOUZA, F. A. et al. PCR-denaturing gradient gel electrophoresis profiling of inter- and intraspecies 18S rRNA gene sequence heterogeneity is an accurate and sensitive method to assess species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi of the genus. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 70, n. 3, p. 1413–1424, 2004.
- DE SOUZA, F. A.; DECLERCK, S. Mycelium development and architecture, and spore production of *Scutellospora reticulata* in monoxenic culture with Ri T-DNA transformed carrot roots. **Mycologia**, v. 95, n. 6, p. 1004–1012, 2003.
- DE SOUZA, R. G. et al. The role of arbuscular mycorrhizal fungi and cattle manure in the establishment of *Tocoyena selloana* Schum. in mined dune areas. **European Journal of Soil Biology**, v. 46, n. 3, p. 237–242, 2010.
- DE SOUZA, R. G. et al. Use of mycorrhizal seedlings on recovery of mined dunes in northeastern Brazil. **Pedobiologia**, v. 55, n. 6, p. 303–309, 2012.
- DE SOUZA, R. G. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in revegetated mined dunes. **Land Degradation and Development**, v. 24, n. 2, p. 147–155, 2013.
- DEL VECCHIO, S. et al. Changes in plant species composition of coastal dune habitats over a 20-year period. **AoB PLANTS**, v. 7, n. 1, p. 1–10, 2015.
- DEVALL, M. S.; THIEN, L. B. Factors influencing the reproductive success of *Ipomoea pes-caprae* (Convolvulaceae) around the gulf of Mexico. **American Journal of Botany**, v. 76, n. 12, p. 1821–1831, 1989.
- DOING, H. Coastal fore-dune zonation and succession in various parts of the world. **Vegetatio**, v. 61, n. 1–3, p. 65–75, 1985.
- DOUDS, D. D.; MILLNER, P. D. Biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi in

- agroecosystems. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 74, p. 77–93, 1999.
- DUFRENE, M.; LEGENDRE, P. Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. **Ecological Monographs**, v. 67, n. 3, p. 345–366, 1997.
- DUMBRELL, A. J. et al. Relative roles of niche and neutral processes in structuring a soil microbial community. **The ISME Journal**, v. 4, n. 3, p. 337–345, 2010.
- EBERL, R. Mycorrhizal association with native and invasive cordgrass *Spartina* spp. in San Francisco Bay, California. **Aquatic Biology**, v. 14, n. 1, p. 1–7, 2011.
- EDGAR, R. C. et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. **Bioinformatics**, v. 27, n. 16, p. 2194–2200, 2011.
- EHINGER, M. O. et al. Significant genetic and phenotypic changes arising from clonal growth of a single spore of an arbuscular mycorrhizal fungus over multiple generations. **New Phytologist**, v. 196, n. 3, p. 853–861, 2012.
- EMBRAPA. **Manual de métodos de análise de solo**. In: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, p. 212, 1997.
- ESCALANTE, A. C. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi associated with coastal vegetation in Chuburna, Yucatan, Mexico. **Tropical and Subtropical Agroecosystems**, v. 16, p. 1–11, 2013.
- ESTRADA, B. et al. *Diversispora clara* (Glomeromycetes) - a new species from saline dunes in the Natural Park Cabo de Gata (Spain). **Mycotaxon**, v. 118, p. 73–81, 2011.
- FALKENBERG, D. DE B. Aspectos da flora e da vegetação secundária da restinga de Santa Catarina, Sul do Brasil. **Insula**, v. 28, p. 1–30, 1999.
- FENCHEL, T.; FINLAY, B. J. The ubiquity of small species: patterns of local and global diversity. **BioScience**, v. 54, n. 8, p. 777–784, 2004.
- FENU, G. et al. Environmental factors influencing coastal vegetation pattern: new insights from the Mediterranean Basin. **Folia Geobotanica**, v. 48, n. 4, p. 493–508, 2013.
- FERNANDES, M. F.; QUEIROZ, L. P. Floristic survey of Restinga Forests in southern Bahia reveals the effect of geography on community composition. **Rodriguésia**, v. 66, n. 1, p. 51–73, 2014.
- FERREIRA, J. P. R.; ZANIN, A. **Diversidade das Tribos Eragrostiideae Stapf e Zoysieae Benth. (Poaceae - Chloridoideae) na Ilha de Santa Catarina, Brasil**. Iheringia - Serie Botanica, v. 69, n. 1, p. 175–199, 2014.
- FIELD, K. J. et al. First evidence of mutualism between ancient plant lineages (Haplomitriopsida liverworts) and Mucoromycotina fungi and its response to simulated Palaeozoic changes in atmospheric CO₂. **New Phytologist**, v. 205, p. 743–756, 2015.
- FIERER, N. Microbial biogeography: patterns in microbial diversity across space and time.

Accessing Uncultivated Microorganisms: from the Environment to Organisms and Genomes and Back, p. 95–115, 2008.

FITTER, A. H. Darkness visible: reflections on underground ecology. **Journal of Ecology**, v. 93, p. 231–243, 2005.

FOLLI-PEREIRA, M. DA S. et al. Micorriza arbuscular e a tolerância das plantas ao estresse. **Revista Brasileira de Ciência do Soloncia do Solo**, v. 36, n. 6, p. 1663–1679, 2012.

FRANKHAM, R. Do island populations have less genetic variation than mainland populations? **Heredity**, v. 78, p. 311–327, 1997.

FREDERIKSEN, L. et al. A multivariate approach to plant community distribution in the coastal dune zonation of NW Denmark. **Phytocoenologia**, v. 36, n. 3, p. 321–342, 2006.

GALLEGO-FERNÁNDEZ, J. B.; MARTÍNEZ, M. L. Environmental filtering and plant functional types on Mexican foredunes along the Gulf of Mexico. **Ecoscience**, v. 18, n. 1, p. 52–62, 2011.

GARDES, M.; BRUNS, T. D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes, application to the identification of mycorrhiza and rusts. **Molecular Ecology**, v. 2, p. 113–118, 1993.

GEMMA, J. N.; KOSKE, R. E. Arbuscular mycorrhizae in sand dune plants of the north Atlantic Coast of the US: Field and greenhouse inoculation and presence of mycorrhizae in planting stock. **Journal of Environmental Management**, v. 50, n. 3, p. 251–264, 1997.

GERDEMANN, J. W.; NICOLSON, T. H. Spores of mycorrhizal *Endogone* species extracted from soil by wet sieving and decanting. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 46, n. 2, p. 235–244, 1963.

GIOVANNETTI, M. Seasonal variations of vesicular-arbuscular mycorrhizas and endogonaceous spores in a maritime sand dune. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 84, n. 4, p. 679–684, 1985.

GIOVANNETTI, M.; NICOLSON, T. H. Vesicular-arbuscular mycorrhizas in Italian sand dunes. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 80, n. 3, p. 552–557, 1983.

GOMES NETO, A.; CUNHA, S. R.; VOIGT, E. L. Vegetative propagation of the dune building plant *Ipomoea pes-caprae* for use in dune rehabilitation projects. **Journal of Coastal Research**, v. 39, p. 1251–1254, 2006.

GOTELLI, N. J.; GRAVES, G. R. **Null Models in Ecology**. Smithsonian Institution Press, Washington DC., 1996.

GOTO, B. T.; MAIA, L. C. Glomerospores: a new denomination for the spores of Glomeromycota, a group molecularly distinct from the Zygomycota. **Mycotaxon**, v. 96, p. 129–

132, 2006.

GOTO, B. T. et al. *Racocetra intraornata*, a new species in the Glomeromycetes with a unique spore wall structure. **Mycologia**, v. 109, p. 483–491, 2009.

GOTO, B. T. et al. *Dentiscutata colliculosa*, a new species in the Glomeromycetes from Northeastern Brazil with colliculate spore ornamentation. **Nova Hedwigia**, v. 90, n. 3–4, p. 383–393, 2010.

GOTO, B. T. et al. *Racocetra tropicana*, a new species in the Glomeromycetes from tropical areas. **Nova Hedwigia**, v. 92, n. 1–2, p. 69–82, 2011.

GOTO, B. T. et al. *Glomus trufemii* (Glomeromycetes), a new sporocarpic species from Brazilian sand dunes. **Mycotaxon**, v. 120, n. 2001, p. 1–9, 2012a.

GOTO, B. T. et al. Intraornatosporaceae (Gigasporales), a new family with two new genera and two new species. **Mycotaxon**, v. 119, p. 117–132, 2012b.

GOTO, B. T.; JOBIM, K. 2014. **Página do Laboratório de Biologia de Micorrizas**. Disponível em: < <http://glomeromycota.wixsite.com/lbmicorrizas/cpia>>. Acesso em: 07 nov. 2016.

GREEN, J.; BOHANNAN, B. J. M. Spatial scaling of microbial biodiversity. **Trends in Ecology and Evolution**. Elsevier, 2006. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16815589>>. Acesso em: 20 nov. 2016.

GREEN, M. R.; SAMBROOK, J. **Molecular Cloning, a Laboratory Manual**. 4. Spring Harbor Laboratory Press, New York, USA, 2012.

GRIME, J. P. **Plant strategies, vegetation processes, and ecosystem properties**. Wiley, 2001.

GUADARRAMA, P. et al. Propagules of arbuscular mycorrhizal fungi in a secondary dry forest of Oaxaca, Mexico. **Revista de Biología Tropical**, v. 56, n. 1, p. 269–277, 2008.

GUARA-REQUENA, M. La influencia de la distancia al mar en la distribución de la flora de las dunas del cabo de gata. **Acta Botánica Malacitana**, v. 14, p. 151–159, 1989.

GUERRA, M. F. Conflitos ambientais no Parque Natural Municipal de Grumari. **Revista Rio de Janeiro**, n. 16–17, p. 115–132, 2005.

HARINIKUMAR, K. M.; BAGYARAJ, D. J. Potential of earthworms, ants, millipedes, and termites for dissemination of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi in soil. **Biology and Fertility of Soils**, v. 18, n. 2, p. 115–118, 1994.

HART, M. M. et al. Navigating the labyrinth : a guide to sequence-based, community ecology of arbuscular mycorrhizal fungi. **New Phytologist**, v. 207, p. 235–247, 2015.

HART, M. M.; READER, R. J. Taxonomic basis for variation in the colonization strategy of arbuscular mycorrhizal fungi. **New Phytologist**, v. 153, p. 335–344, 2002.

- HAYWARD, J.; HYNSON, N. A.; BODDY, L. New evidence of ectomycorrhizal fungi in the Hawaiian Islands associated with the endemic host *Pisonia sandwicensis* (Nyctaginaceae). **Fungal Ecology**, v. 12, p. 62–69, 2014.
- HAZARD, C. et al. The role of local environment and geographical distance in determining community composition of arbuscular mycorrhizal fungi at the landscape scale. **The ISME Journal**, v. 7, p. 498–508, 2013.
- HEIJDEN, M. G. A VAN DER et al. Mycorrhizal ecology and evolution: the past, the present, and the future. **New Phytologist**, v. 205, n. 4, p. 1406–1423, 2015.
- HEIJDEN, M. G. A. VAN DER; WIEMKEN, A.; SANDERS, I. R. Different arbuscular mycorrhizal fungi alter coexistence and resource distribution between co-occurring plant. **New Phytologist**, v. 157, p. 569–578, 2003.
- HEINONSALO, J.; JØRGENSEN, K.; SEN, R. Microcosm-based analyses of Scots pine seedling growth, ectomycorrhizal fungal community structure and bacterial carbon utilization profiles in boreal forest. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 36, n. 1, p. 73–84, 2001.
- HELGASON, T. et al. Ploughing up the wood-wide web? **Nature**, v. 394, n. 6692, p. 431, 1998.
- HELGASON, T. et al. Selectivity and functional diversity in arbuscular mycorrhizas of co-occurring fungi and plants from a temperate deciduous woodland. **Journal of Ecology**, v. 90, n. 2, p. 371–384, abr. 2002.
- HELGASON, T.; FITTER, A. H.; YOUNG, J. P. W. Molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi colonising *Hyacinthoides non-scripta* (bluebell) in a seminatural woodland. **Molecular Ecology**, v. 8, n. 4, p. 659–666, 1999.
- HEMPEL, S.; RENKER, C.; BUSCOT, F. Differences in the species composition of arbuscular mycorrhizal fungi in spore, root and soil communities in a grassland ecosystem. **Environmental Microbiology**, v. 9, n. 8, p. 1930–1938, 2007.
- HIJRI, M.; SANDERS, I. Low gene copy number shows that arbuscular mycorrhizal fungi inherit genetically different nuclei. **Nature**, v. 433, p. 160–163, 2005.
- HOAGLAND, D. R.; ARNON, D. I. The water-culture method for growing plants without soil. **California Agricultural Experiment Station Circular**, v. 347, n. 347, p. 1–32, 1950.
- HOEKSEMA, J. D. et al. A meta-analysis of context-dependency in plant response to inoculation with mycorrhizal fungi. **Ecology Letters**, v. 13, n. 3, p. 394–407, 2010.
- HORN, N. Ilha de Santa Catarina. In: **Erosão e Progradação do Litoral Brasileiro - Santa Catarina**. p. 401–436, 2006.
- HORNER-DEVINE, M. C. et al. A taxa–area relationship for bacteria. **Nature**, v. 432, 750–753, 2004.

- HOUSE, G. L. et al. Phylogenetically structured differences in rRNA gene sequence variation among species of arbuscular mycorrhizal fungi and their implications for sequence clustering. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 82, n. 16, p. 4921–4930, 2016.
- HSIEH, T. C.; MA, K. H.; CHAO, A. iNEXT: an R package for rarefaction and extrapolation of species diversity (Hill numbers). **Methods in Ecology and Evolution**, p. 1–23, 2016.
- INMET. **Instituto nacional de meteorologia**. Dados disponíveis em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/>>. Acesso em: 01 nov. 2016.
- INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE. **Proposta de Criação da Área de Proteção Ambiental Estadual Marinha da Baía de Ilha Grande**. INEA, 27 p., 2011.
- INSTITUTO ESTADUAL DO AMBIENTE. Plano de Manejo Parque Estadual da Ilha Grande. INEA, 2013.
- ISERMANN, M. Soil pH and species diversity in coastal dunes. **Plant Ecology**, v. 178, n. 1, p. 111–120, 2005.
- JANSA, J. et al. Diversity and structure of AMF communities as affected by tillage in a temperate soil. **Mycorrhiza**, v. 12, n. 5, p. 225–234, 2002.
- JANSA, J. et al. Soil and geography are more important determinants of indigenous arbuscular mycorrhizal communities than management practices in Swiss agricultural soils. **Molecular Ecology**, v. 23, n. 8, p. 2118–2135, 2014.
- JARSTFER, A. G.; SYLVIA, D. M. Isolation, culture, and detection of AMF. In: Metting, F.B. (Ed.), **Soil Microbial Ecology: Applications in Agricultural and Environmental Management**. Marcel Dekker, Inc., New York, pp. 349–377, 1992.
- JEFFRIES, P. et al. The contribution of arbuscular mycorrhizal fungi in sustainable maintenance of plant health and soil fertility. **Biology and Fertility of Soils**, v. 37, n. 1, p. 1–16, 2003.
- JENKINS, W. R. A rapid centrifugal-flotation technique for separating nematodes from soil. **Plant Disease Report**, v. 48, n. 41, p. 692, 1964.
- JOBIM, K. et al. Arbuscular mycorrhizae in coastal areas. In: **Recent Advances on Mycorrhizal Fungi**. Springer, p. 101–108. 2016a.
- JOBIM, K.; GOTO, B. T. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) in maritime sand dunes of Brazilian northeast. **Studies in Fungi**, v. 1, n. 1, p. 43–55, 2016b.
- JOHANSEN, R. B. et al. A coastal sand dune in New Zealand reveals high arbuscular mycorrhizal fungal diversity. **Symbiosis**, v. 66, n. 3, p. 111–121, 2015.
- JOHANSEN, R. B. et al. A native and an invasive dune grass share similar, patchily distributed, root-associated fungal communities. **Fungal Ecology**, v. 23, p. 141–155, 2016.

- KAMBLE, V. R.; SAYED, B. K.; QURESHI, N. Screening of CSDPs for AM Fungal Association from Arnala and Kalamb Beach Maharashtra. **IOSR Journal of Pharmacy and Biological Sciences**, v. 2, n. 4, p. 44–47, 2012.
- KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 4, p. 772–780, 2013.
- KAWAHARA, A.; EZAWA, T. Characterization of arbuscular mycorrhizal fungal communities with respect to zonal vegetation in a coastal dune ecosystem. **Oecologia**, v. 173, n. 2, p. 533–543, 2013.
- KEMPTON, R. A. The structure of species abundance and measurement of diversity. **Biometrics**, v. 35, n. 1, p. 307–321, 1979.
- KIER, G. et al. A global assessment of endemism and species richness across island and mainland regions. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 106, n. 23, p. 9322–9327, 2009.
- KIVLIN, S. N.; HAWKES, C. V.; TRESEDER, K. K. Global diversity and distribution of arbuscular mycorrhizal fungi. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 43, n. 11, p. 2294–2303, 2011.
- KLEIN, Y. L.; OSLEEB, J. P.; VIOLA, M. R. Tourism-generated earnings in the coastal zone: a regional analysis. **Journal of Coastal Conservation**, v. 20, n. 4, p. 1080–1088, 2004.
- KNIEF, C. Analysis of plant microbe interactions in the era of next generation sequencing technologies. **Frontiers in plant science**, v. 5, 2014.
- KOCH, A. M. et al. High genetic variability and low local diversity in a population of arbuscular mycorrhizal fungi. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 101, n. 8, p. 2369–2374, 2004.
- KOEHLER, H. et al. Soil microarthropods (Acari, Collembola) from beach and dune: characteristics and ecosystem context. **Journal of Coastal Conservation**, v. 1, n. 1, p. 77–86, 1995.
- KOHOUT, P. et al. Comparison of commonly used primer sets for evaluating arbuscular mycorrhizal fungal communities: Is there a universal solution? **Soil Biology and Biochemistry**, v. 68, p. 482–493, 2014.
- KOSKE, R. Vesicular-Arbuscular mycorrhizae of some Hawaiian dune plants. **Pacific Science**, v. 42, p. 217–229, 1988.
- KOSKE, R. et al. Effects of sea water on spore germination of a sand-dune-inhabiting arbuscular mycorrhizal fungus. **Mycologia**, v. 88, n. 6, p. 947–950, 1996.

- KOSKE, R. E. *Endogone* spores in Australian sand dunes. **Canadian Journal of Botany**, v. 53, n. 7, p. 668–672, abr. 1975.
- KOSKE, R. E.; HALVORSON, W. L. Ecological studies of vesicular-arbuscular mycorrhizae in a barrier sand dune. **Botany**, v. 59, n. 8, p. 1413–1422, 1981.
- KOSKE, R. E.; GEMMA, J. N. VA mycorrhizae in strand vegetation of Hawaii: evidence for long-distance codispersal of plants and fungi. **American Journal of Botany**, v. 77, n. 4, p. 466, 1990.
- KOSKE, R. E.; GEMMA, J. N. Mycorrhizae and succession in plantings of beachgrass in sand dunes. **American Journal of Botany**, v. 84, n. 1, p. 118–130, 1997.
- KOSKE, R. E.; POLSON, W. R. Are VA mycorrhizae required for sand dune stabilization? **BioScience**, v. 34, n. 7, p. 420–424, 1984.
- KOWALCHUK, G. A.; DE SOUZA, F. A.; VAN VEEN, J. A. Community analysis of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Ammophila arenaria* in Dutch coastal sand dunes. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 571–581, 2002.
- KRÜGER, M. et al. DNA-based species level detection of Glomeromycota: one PCR primer set for all arbuscular mycorrhizal fungi. **New phytologist**, v. 183, n. 1, p. 212–23, 2009.
- KULKARNI, S. S.; RAVIRAJA, N. S.; SRIDHAR, K. R. Association of arbuscular mycorrhizal fungi with plants of coastal sand dunes of west coast of India. **Journal of Coastal Research**, v. 13, n. 3, p. 931–936, 1997.
- LACERDA, F. F. **Tendências de temperatura e precipitação e cenários de mudanças climáticas de longo prazo no nordeste do brasil e em ilhas oceânicas**. Tese (Doutorado em Engenharia Civil) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife. 110 p., 2015.
- LANDIS, F. C.; GARGAS, A.; GIVNISH, T. J. Relationships among arbuscular mycorrhizal fungi, vascular plants and environmental conditions in oak savannas. **New Phytologist**, v. 164, p. 493–504, 2004.
- LEE, J.; LEE, S.; YOUNG, J. P. W. Improved PCR primers for the detection and identification of arbuscular mycorrhizal fungi. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 65, n. 2, p. 339–349, 2008.
- LEKBERG, Y. et al. Role of niche restrictions and dispersal in the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Journal of Ecology**, v. 95, p. 95–105, 2007.
- LITTLE, L. R.; MAUN, M. A. The “*Ammophila* problem” revisited: a role for mycorrhizal fungi. **The Journal of Ecology**, v. 84, n. 1, p. 1–7, 2008.
- LIU, Y. et al. Direct and indirect influences of 8yr of nitrogen and phosphorus fertilization on Glomeromycota in an alpine meadow ecosystem. **New Phytologist**, v. 194, n. 2, p. 523–535, 2012.

- LOSOS, J. B.; RICKLEFS, R. E. Adaptation and diversification on islands. **Nature**, v. 457, p. 830–836, 2009.
- LUO, C. et al. Direct comparisons of Illumina vs. Roche 454 sequencing technologies on the same microbial community DNA sample. **PLoS ONE**, v. 7, n. 2, p. 1–12, 2012.
- MACARTHUR, R.H.; WILSON, E. O. **The theory of island biogeography**. Princeton University Press, New Jersey, 1967.
- MACHADO, M. S. et al. Fenologia da frutificação de espécies vegetais nativas e a restauração florestal no arquipélago de Fernando de Noronha , PE , Brasil. **Hoehnea**, v. 40, n. 3, p. 473–483, 2013.
- MAGOC, T.; SALZBERG, S. L. FLASH: Fast Length Adjustment of Short Reads to improve genome assemblies. **Bioinformatics**, v. 27, n. 21, p. 2957–2963, 2011.
- MAGURRAN, A. E. **Measuring biological diversity**. Blackwell Pub, 2004.
- MAHERALI, H.; KLIRONOMOS, J. N. Influence of phylogeny on fungal community assembly and ecosystem functioning. **Science**, v. 316, p. 1746–1748, 2007.
- MALIYAKAL, J. E. An efficient method for isolation of RNA and DNA from plants containing polyphenolics. **Nucleic Acids Research**, v. 20, n. 9, p. 2381, 1992.
- MANGAN, S. A.; ADLER, G. H. Seasonal dispersal of arbuscular mycorrhizal fungi by spiny rats in a neotropical forest. **Oecologia**, v. 131, n. 4, p. 587–597, 2002.
- MANGAN, S. A. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi across a fragmented forest in Panama: insular spore communities differ from mainland communities. **Oecologia**, v. 141, n. 4, p. 687–700, 2004.
- MARINHO, F. et al. *Bulbospora minima*, a new genus and a new species in the Glomeromycetes from semi-arid Northeast Brazil. **Sydowia**, v. 66, n. 2, p. 313–323, 2014.
- MARQUES, F. A. et al. Caracterização de vertissolos da ilha de Fernando de Noronha, Pernambuco. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 38, n. 4, p. 1051–1065, 2014.
- MARTÍNEZ-GARCÍA, L. B. et al. Host identity is a dominant driver of mycorrhizal fungal community composition during ecosystem development. **New Phytologist**, v. 205, p. 1565–1576, 2015.
- MARTÍNEZ, M. L.; MORENO-CASASOLA. Effects of burial by sand on seedling growth and survival in six tropical sand dune species from the Gulf of Mexico. **Journal of Coastal Research**, v. 12, n. 2, p. 406–419, 1996.
- MARTINY, J. B. H. et al. Microbial biogeography: putting microorganisms on the map. **Nature Reviews**, v. 4, p. 102–112, 2006.
- MATOS, A. B. et al. Revisión taxonómica del género *Canavalia* DC. (Leguminosae-

- Papilionoidea) en Cuba. **Revista de la Academia Colombiana de Ciencias**, v. 28, n. 107, p. 157–175, 2004.
- MAUN, M. A. **The biology of coastal sand dunes**. Oxford University, New York 265p., 2009.
- MAZZER, A. M.; DILLENBURG, S. Variações temporais da linha de costa em praias arenosas dominadas por ondas do sudeste da Ilha de Santa Catarina (Florianópolis, SC, Brasil). **Pesquisas em Geociências**, v. 36, n. 1, p. 117–135, 2009.
- MCGONIGLE, T. P. et al. A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi. **New Phytologist**, v. 115, n. 3, p. 495–501, 1990.
- MCCUNE, B., MEFFORD, M. J. PC-ORD. **Multivariate analysis of ecological data**. Version 6.0. MJM Software, Gleneden Beach, USA, 2011.
- MCLACHLAN, A. Ecology of coastal dune fauna. **Journal of Arid Environments**, v. 21, p. 229–243, 1991.
- MELLO, T. J. **Invasão biológica em ilhas oceânicas: o caso de *Leucaena leucocephala* (Leguminosae) em Fernando de Noronha**. Dissertação (Mestrado em Biociências), Instituto de Biociências – Universidade de São Paulo, São Paulo. 96 p., 2014.
- MELLO, T. J.; DE OLIVEIRA, A. A. Making a bad situation worse: an invasive species altering the balance of interactions between local species. **PLoS ONE**, v. 11, n. 3, p. 1–17, 2016.
- MENDOZA-GONZÁLEZ, G.; MARTÍNEZ, M. L.; LITHGOW, D. Biological flora of coastal dunes and wetlands: *Canavalia rosea* (Sw.) DC. **Journal of Coastal Research**, v. 30, n. 4, p. 697–713, 2014.
- MENEZES, C. M. et al. Florística e fitossociologia em um trecho de restinga no Litoral Norte do Estado da Bahia. **Biotemas**, v. 25, n. 1, p. 1–4, 2012.
- MENKIS, A. et al. Root-associated fungi of *Rosa rugosa* grown on the frontal dunes of the Baltic Sea Coast in Lithuania. **Microbial Ecology**, v. 67, n. 4, p. 769–774, 2014.
- MERGULHÃO, A. C. DO E. S. et al. Hospedeiros e ciclos sucessivos de multiplicação afetam a detecção de fungos micorrízicos arbusculares em áreas impactadas por mineração gesseira. **Árvore**, v. 33, n. 2, p. 227–236, 2009.
- MERGULHÃO, A. C. E. S. et al. Caracterização morfológica e molecular de fungos micorrízicos arbusculares isolados de áreas de mineração de gesso, Araripina, PE, Brasil. **Hoehnea**, v. 41, n. 3, p. 393–400, 2014.
- MILNE, I. et al. TOPALi v2: a rich graphical interface for evolutionary analyses of multiple alignments on HPC clusters and multi-core desktops. **Bioinformatics**, v. 25, n. 1, p. 126–127,

2009.

MIRYEGANEH, M. et al. Long-distance dispersal by sea-drifted seeds has maintained the global distribution of *Ipomoea pes-caprae* subsp. *brasiliensis* (Convolvulaceae). **PLoS ONE**, v. 9, n. 4, p. 1–10, 2014.

MMA (Ministério do Meio Ambiente). Parque Nacional da Tijuca. Brasília: MMA, Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade Plano, 2008.

MOORA, M. et al. Alien plants associate with widespread generalist arbuscular mycorrhizal fungal taxa: evidence from a continental-scale study using massively parallel 454 sequencing. **Journal of Biogeography**, v. 38, n. 7, p. 1305–1317, 2011.

MOORA, M. et al. Anthropogenic land use shapes the composition and phylogenetic structure of soil arbuscular mycorrhizal fungal communities. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 90, n. 3, p. 609–621, 2014.

MOORA, M. et al. AM fungal communities inhabiting the roots of submerged aquatic plant *Lobelia dortmanna* are diverse and include a high proportion of novel taxa. **Mycorrhiza**, v. 26, n. 7, p. 735–745, 2016.

MORAES, F. C. DE. **Esponjas das Ilhas Oceânicas Brasileiras**. Rio de Janeiro: Museu Nacional. 252 p., 2011.

NICOLSON, B. T. H. Mycorrhiza in the Gramineae: I. Vesicular-arbuscular endophytes, with special reference to the external phase. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 42, n. 4, p. 421–438, 1959.

NIELSEN, K. B. et al. Colonization of new land by arbuscular mycorrhizal fungi. **Fungal Ecology**, v. 20, p. 22–29, 2016.

NOGUEIRA, A. C.; CÔRTEZ, I. M. R.; VERÇOZA, F. C. A família Bromeliaceae na Área de Proteção Ambiental de Grumari, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. **Natureza online**, v. 9, n. 2, p. 91–95, 2011.

OEHL, F. et al. Impact of land use intensity on the species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in agroecosystems of Central Europe. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 69, n. 5, p. 2816–2824, 2003.

OEHL, F. et al. *Acaulospora alpina*, a new arbuscular mycorrhizal fungal species characteristic for high mountainous and alpine regions of the Swiss Alps. **Mycologia**, v. 98, n. 2, p. 286–294, 2006.

OEHL, F. et al. Soil type and land use intensity determine the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 42, n. 5, p. 724–738, 2010.

- OEHL, F. et al. Advances in Glomeromycota taxonomy and classification. **IMA Fungus**, v. 2, n. 2, p. 191–199, 2011a.
- OEHL, F. et al. *Acaulospora punctata*, a new fungal species in the Glomeromycetes from mountainous altitudes of the Swiss Alps and Chilean Andes. **Nova Hedwigia**, v. 93, n. 3, p. 353–362, 2011b.
- OHSOWSKI, B. M. et al. Where the wild things are: looking for uncultured Glomeromycota. **New Phytologist**, v. 204, p. 171–179, 2014.
- OKSANEN, J. et al. **Vegan: Community Ecology Package**. R package version 1.17–2, 2010. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=vegan>>.
- OLIVEIRA-FILHO, A. T.; CARVALHO, D. A. Florística e fisionomia da vegetação no extremo norte do litoral da Paraíba. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 16, p. 115–130, 1993.
- ÖPIK, M. et al. Divergent of mycorrhizal fungal *Pulsatilla* boreal pine grassland. **New Phytologist**, v. 160, n. 3, p. 581–593, 2003.
- ÖPIK, M. et al. Composition of root-colonizing arbuscular mycorrhizal fungal communities in different ecosystems around the globe. **Journal of Ecology**, v. 94, n. 4, p. 778–790, 2006.
- ÖPIK, M. et al. Large-scale parallel 454 sequencing reveals host ecological group specificity of arbuscular mycorrhizal fungi in a boreonemoral forest. **New Phytologist**, v. 184, n. 2, p. 424–437, 2009.
- ÖPIK, M. et al. The online database MaarjAM reveals global and ecosystemic distribution patterns in arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota). **New Phytologist**, v. 188, n. 1, p. 223–241, 2010.
- ÖPIK, M. et al. Global sampling of plant roots expands the described molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi. **Mycorrhiza**, v. 23, n. 5, p. 411–430, 2013.
- ÖPIK, M. et al. DNA-based detection and identification of Glomeromycota: the virtual taxonomy of environmental sequences. **Botany**, v. 92, p. 135–147, 2014.
- PAGANO, M. C.; ZANDAVALLI, R. B.; ARAÚJO, F. S. Biodiversity of arbuscular mycorrhizas in three vegetational types from the semiarid of Ceará State, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 67, p. 37–46, 2013.
- PAPKE, R. T.; WARD, D. M. The importance of physical isolation to microbial diversification. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 48, n. 3, p. 293–303, 2004.
- PAWLOWSKA, T.; TAYLOR, J. Organization of genetic variation in individuals of arbuscular mycorrhizal fungi. **Nature**, v. 427, p. 733–737, 2004.
- PEAY, K. G. et al. A strong species – area relationship for eukaryotic soil microbes: island size matters for ectomycorrhizal fungi. **Ecology Letters**, v. 10, p. 470–480, 2007.

- PEREIRA, C. M. P. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in Atlantic forest areas under different land uses. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 185, p. 245–252, 2014.
- PEREIRA, C. M. R. et al. *Acaulospora reducta* sp. nov. and *A. excavata* — two glomeromycotan fungi with pitted spores from Brazil. **Mycotaxon**, v. 130, n. 4, p. 983–995, 2015.
- PETERSON, P. M. et al. **Systematics of California grasses (Poaceae)**. California grasslands: ecology and management, p. 7–20, 2007.
- PHILLIPS, J. M.; HAYMAN, D. S. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 55, n. 1, p. 158–161, 1970.
- PINHEIRO, M. V. DE A.; MOURA-FÉ, M. M.; FREITAS, E. M. DE N. Os ecossistemas dunares e a Legislação Ambiental Brasileira. **Geo UERJ**, v. 2, n. 24, 2013.
- POLETO, C. R. B.; BATISTA, G. T. Sensibilidade ambiental das ilhas costeiras de Ubatuba, SP, Brasil. **Revista Ambiente & Água**, v. 3, n. 12, p. 106–121, 2008.
- PÖLME, S. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi associating with roots of *Alnus* and *Rubus* in Europe and the Middle East. **Fungal Ecology**, v. 24, p. 27–34, 2016.
- PRESTON, F. W. Time and space and the variation of species. **Ecology**, v. 41, n. 4, p. 611–627, 1960.
- PSUTY, N. P. The coastal foredune: a morphological basis for regional coastal dune development. In: MARTÍNEZ, M. L.; PSUTY, N. P. (Eds.). **Coastal Dunes, Ecology and Conservation**. Heidelberg, Berlin. p. 11–27, 2004.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2010.
- QIU, X. et al. Evaluation of PCR-generated chimeras, mutations, and heteroduplexes with 16S rRNA gene-based cloning. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 67, n. 2, p. 880–887, 2001.
- RAJU, A. S.; RAJU, P. S.; RAMANA, K. V. Melittophily and malacophily in *Ipomoea pes-caprae* (Convolvulaceae). **TAPROBANICA**, v. 6, n. 2, p. 90–99, 2014.
- REDECKER, D.; HIJRI, I.; WIEMKEN, A. Molecular identification of arbuscular mycorrhizal fungi in roots: perspectives and problems. **Folia Geobotanica**, v. 38, n. 2, p. 113–124, 2003.
- REDECKER, D.; KODNER, R.; GRAHAM, L. E. Glomalean fungi from the Ordovician. **Science**, v. 289, p. 1920–1921, 2000.
- RILLIG, M. C.; ALLEN, M. F. What is the role of arbuscular mycorrhizal fungi in plant-to-

- ecosystem responses to Elevated atmospheric CO₂? **Mycorrhiza**, v. 9, n. 1, p. 1–8, 1999.
- RILLIG, M. C.; MUMMEY, D. L. Mycorrhizas and soil structure. **New Phytologist**, v. 171, p. 41–53, 2006.
- ROCHA, C. F. D. et al. The remnants of restinga habitats in the brazilian Atlantic Forest of Rio de Janeiro state, Brazil: habitat loss and risk of disappearance. **Brazilian Journal of Biology**, v. 67, n. 672, p. 263–273, 2007.
- RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA, S. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi communities from tropical Africa reveal strong ecological structure. **New Phytologist**, v. 213, n. 1, p. 380–390, 2017.
- RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA, S.; FREITAS, H. Diversity of AMF associated with *Ammophila arenaria* ssp. *arundinacea* in Portuguese sand dunes. **Mycorrhiza**, v. 16, n. 8, p. 543–552, 2006.
- ROSENDAHL, S. Communities, populations and individuals of arbuscular mycorrhizal fungi. **New Phytologist**, v. 178, n. 2, p. 253–266, 2008.
- ROSENDAHL, S.; STUKENBROCK, E. H. Community structure of arbuscular mycorrhizal fungi in undisturbed vegetation revealed by analyses of LSU rDNA sequences. **Molecular Ecology**, v. 13, n. 10, p. 3179–3186, 2004.
- SAGHAI-MAROOF, M. A et al. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 81, n. 24, p. 8014–8018, 1984.
- SAKS, Ü. et al. Root-colonizing and soil-borne communities of arbuscular mycorrhizal fungi in a temperate forest understorey. **Botany**, v. 92, p. 277–285, 2014.
- SANDERS, I. R. Plant and arbuscular mycorrhizal fungal diversity - are we looking at the relevant levels of diversity and are we using the right techniques? **New Phytologist**, v. 164, n. 3, p. 415–418, 2004.
- SCHMIDT, S. K.; SCOW, K. M. **Mycorrhizal fungi on the Galapagos Islands. Biotropica**, v. 18, n. 3, p. 236–240, 1986.
- SCHOCH, C. L. et al. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 109, n. 16, p. 1–6, 2012.
- SELVARAJ, T.; KIM, H. Ecology of vesicular-arbuscular mycorrhizal (VAM) fungi in coastal areas of India. **Agricultural Chemistry & Biotechnology**, v. 47, n. 2, p. 71–76, 2004.
- SHANNON, C. E.; WEAVER, W. **The mathematical theory of communication**. University

of Illinois Press, Illinois, 1949.

SIEVERDING, E. et al. *Rhizoglosum*, a new genus of the Glomeraceae. **Mycotaxon**, v. 129, n. 2, p. 373–386, 2014.

SIKES, B. A.; MAHERALI, H.; KLIRONOMOS, J. N. Arbuscular mycorrhizal fungal communities change among three stages of primary sand dune succession but do not alter plant growth. **Oikos**, v. 121, n. 11, p. 1–10, 2012.

SILVA, S. M. Diagnóstico das Restingas do Brasil. In: **Workshop Avaliação e Ações Prioritárias Para a Conservação da Biodiversidade da Zona Costeira, Ilhéus**, 2003. Disponível em: <http://www.brasil-rounds.gov.br/round7/arquivos_r7/SISMICA_R7/refere/Restingas.pdf>. Acesso em: 7 set. 2013.

SIMON, L.; LALONDE, M.; BRUNS, T. D. Specific amplification of 18S fungal ribosomal genes from vesicular-arbuscular endomycorrhizal fungi colonizing roots. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 58, n. 1, p. 291–295, 1992.

SMITH, S. E.; READ, D. J. **Mycorrhizal Symbiosis**. 3. ed., Elsevier, 2008.

SONJAK, S. et al. Diversity of halophytes and identification of arbuscular mycorrhizal fungi colonising their roots in an abandoned and sustained part of Sečovlje salterns. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 41, n. 9, p. 1847–1856, 2009.

STEVENS, P. F. 2001. **Angiosperm phylogeny website**. Disponível em: <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>. Acesso em: 15 dez. 2016.

STOCKINGER, H.; WALKER, C.; SCHÜSSLE, A. “*Glomus intraradices* DAOM197198”, a model fungus in arbuscular mycorrhiza research, is not *Glomus intraradices*. **New Phytologist**, v. 183, n. 4, p. 1176–1187, 2009.

STOCKINGER, H.; KRÜGER, M.; SCHÜSSLER, A. DNA barcoding of arbuscular mycorrhizal fungi. **New Phytologist**, v. 187, n. 2, p. 461–474, 2010.

STRULLU, D. G. et al. Ultrastructure and analysis, by laser probe mass spectrography, of the mineral composition of the vesicles of *Trifolium pratense* endomycorrhizas. **New Phytologist**, v. 94, n. 1, p. 81–88, 1983.

STRULLU-DERRIEN, C. et al. Fungal associations in *Horneophyton ligneri* from the Rhynie Chert (c. 407 million year old) closely resemble those in extant lower land plants: novel insights into ancestral plant-fungus symbioses. **The New phytologist**, v. 203, n. 3, p. 964–79, 2014.

STÜRMER, S. L.; STÜRMER, R.; PASQUALINI, D. Taxonomic diversity and community structure of arbuscular mycorrhizal fungi (Phylum Glomeromycota) in three maritime sand dunes in Santa Catarina state, south Brazil. **Fungal Ecology**, v. 6, n. 27–36, p. 27–36, 2013.

- SÝKOROVÁ, Z.; WIEMKEN, A.; REDECKER, D. Cooccurring *Gentiana verna* and *Gentiana acaulis* and their neighboring plants in two Swiss upper montane meadows harbor distinct arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 73, n. 17, p. 5426–5434, 2007.
- TABAJARA, L. L. C. A. et al. Critérios para a classificação e manejo de costa arenosa dominada por ondas e com intensa ocupação urbana: o caso de Imbé, RS, Brasil. **Revista da Gestão Costeira Integrada**, v. 13, n. 4, p. 409–431, 2013.
- TELFORD, R. J.; VANDVIK, V.; BIRKS, H. J. B. Dispersal limitations matter for microbial morphospecies. **Science**, v. 312, n. 5776, p. 1015, 2006.
- THIÉRY, O. et al. Inter- and intrasporal nuclear ribosomal gene sequence variation within one isolate of arbuscular mycorrhizal fungus, *Diversispora* sp. **Symbiosis**, v. 58, p. 135–147, 2012.
- THIÉRY, O. et al. Sequence variation in nuclear ribosomal small subunit, internal transcribed spacer and large subunit regions of *Rhizophagus irregularis* and *Gigaspora margarita* is high and isolate-dependent. **Molecular Ecology**, v. 25, n. 12, p. 2816–2832, 2016.
- TIAN, H. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in degraded typical steppe of inner Mongolia. **Land Degradation and Development**, v. 20, p. 41–54, 2009.
- TREJO-AGUILAR, D. et al. Loss of arbuscular mycorrhizal fungal diversity in trap cultures during long-term subculturing. **IMA Fungus**, v. 4, n. 2, p. 161–167, 2013.
- TRIAANTIS, K. A.; GUILHAUMON, F.; WHITTAKER, R. J. The island species-area relationship: biology and statistics. **Journal of Biogeography**, v. 39, n. 2, p. 215–231, 2012.
- TROELSTRA, S. R. et al. Temporal and spatial variability in soil nutrient status of a former beach plain. **Plant and Soil**, v. 127, n. 1, p. 1–12, 1990.
- TRUFEM, S. F. B. Aspectos ecológicos de fungos micorrízicos vesículo-arbusculares da mata tropical úmida da Ilha do Cardoso, SP, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 4, n. 2, p. 31–45, 1990.
- TRUFEM, S. F. B.; MALATINSZKY, S. M. M.; OTOMO, H. S. Fungos micorrízicos arbusculares em rizosferas de plantas do litoral arenoso do Parque Estadual da Ilha do Cardoso, SP, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 8, n. 2, p. 219–229, 1994.
- TURRINI, A. et al. *In situ* collection of endangered arbuscular mycorrhizal fungi in a Mediterranean UNESCO Biosphere Reserve. **Biodiversity and Conservation**, v. 17, n. 3, p. 643–657, 2008.
- UNTERSEHER, M. et al. Species abundance distributions and richness estimations in fungal metagenomics - lessons learned from community ecology. **Molecular Ecology**, v. 20, n. 2, p. 275–285, 2011.

- VÁLYI, K.; RILLIG, M. C.; HEMPEL, S. Land-use intensity and host plant identity interactively shape communities of arbuscular mycorrhizal fungi in roots of grassland plants. **New Phytologist**, v. 205, n. 4, p. 1577–1586, 2014.
- VAN DER HEIJDEN, M. G. A. et al. Mycorrhizal ecology and evolution: the past, the present, and the future. **New Phytologist**, v. 205, n. 4, p. 1406–1423, 2015.
- VAN ELSAS, J. D. et al. The metagenomics of disease-suppressive soils - experiences from the METACONTROL project. **Trends in Biotechnology**, v. 26, n. 11, p. 591–601, 2008.
- VAN GEEL, M. et al. Evaluation of six primer pairs targeting the nuclear rRNA operon for characterization of arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) communities using 454 pyrosequencing. **Journal of Microbiological Methods**, v. 106, p. 93–100, 2014.
- VANDENKOORNHUYSE, P. et al. Arbuscular mycorrhizal community composition associated with two plant species in a grassland ecosystem. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 1555–1564, 2002.
- VANDENKOORNHUYSE, P. et al. Co-existing grass species have distinctive arbuscular mycorrhizal communities. **Molecular Ecology**, v. 12, n. 11, p. 3085–3095, 2003.
- VARELA-CERVERO, S. et al. The composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities differs among the roots, spores and extraradical mycelia associated with five Mediterranean plant species. **Environmental Microbiology**, v. 17, n. 8, p. 2882–2895, 2015.
- VASCONCELLOS, R. L. F. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi and glomalin-related soil protein as potential indicators of soil quality in a recuperation gradient of the Atlantic Forest in Brazil. **Land Degradation and Development**, v. 27, n. 2, p. 325–334, 2013.
- VASCONCELOS, R. et al. Review of the distribution and conservation status of the terrestrial reptiles of the Cape Verde Islands. **Fauna & Flora International**, v. 47, n. 1, p. 77–87, 2013.
- VATANPARAST, M. et al. Origin of Hawaiian endemic species of *Canavalia* (Fabaceae) from sea-dispersed species revealed by chloroplast and nuclear DNA sequences. **Journal of Japanese Botany**, v. 86, n. 1, p. 15–25, 2011.
- VENKATARAMAN, N. D. et al. Anti-inflammatory potential of ethanolic extracts from aerial parts of *Ipomoea pes-caprae* (L.) R. Br using cotton pellet induced granuloma model. **Journal of Applied Pharmaceutical Science**, v. 3, n. 7, p. 61–63, 2013.
- WAGG, C. et al. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 111, n. 14, p. 5266–70, 2014.
- WALTER, H. S. The mismeasure of islands: implications for biogeographical theory and the conservation of nature. **Journal of Biogeography**, v. 31, p. 177–197, 2004.

- WEHNER, J. et al. Determinants of root-associated fungal communities within Asteraceae in a semi-arid grassland. **Journal of Ecology**, v. 102, n. 2, p. 425–436, 2014.
- WELSH, A. K. et al. Seasonal analyses of arbuscular mycorrhizae, nitrogen-fixing bacteria and growth performance of the salt marsh grass *Spartina patens*. **Plant and Soil**, v. 330, n. 1, p. 251–266, 2010.
- WERNER, G. D. A.; KIERS, E. T. Order of arrival structures arbuscular mycorrhizal colonization of plants. **New Phytologist**, 2014.
- WETZEL, K. et al. Superior differentiation of arbuscular mycorrhizal fungal communities from till and no-till plots by morphological spore identification when compared to T-RFLP. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 72, p. 88–96, 2014.
- WHITEHEAD, D. R.; JONES, C. E. Small islands and the equilibrium theory of insular biogeography. **Evolution**, v. 23, n. 1, p. 171, mar. 1969.
- WILLIAMS, C. B. Patterns in the balance of nature. And related problems in quantitative ecology. **Science**, v. 144, n. 3625, 1964.
- WILLIAMS, M. J. **Native plants for coastal dune restoration: what, when, and how for Florida**. Disponível em: <<http://www.fl.nrcs.usda.gov/programs/pmc/flplantmaterials.htm>>. Acesso em: 1 jan. 2015.
- WILSON; SYKES. Is zonation on coastal sand dunes determined primarily by sand burial or by salt spray? A test in New Zealand dunes. **Ecology Letters**, v. 2, n. 4, p. 233–236, 1999.
- XIANG, D. et al. Relative importance of Individual climatic drivers shaping arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Microbial Ecology**, v. 72, n. 2, p. 418–427, 2016.
- XU, T. et al. Plant community, geographic distance and abiotic factors play different roles in predicting AMF biogeography at the regional scale in northern China. **Environmental Microbiology Reports**, p. 2–27, 2016.
- XU, X. et al. The influence of environmental factors on communities of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Chenopodium ambrosioides* revealed by MiSeq sequencing investigation. **Scientific Reports**, v. 7, p. 1–11, 2017.
- YAMATO, M.; IKEDA, S.; IWASE, K. Community of arbuscular mycorrhizal fungi in a coastal vegetation on Okinawa island and effect of the isolated fungi on growth of sorghum under salt-treated conditions. **Mycorrhiza**, v. 18, n. 5, p. 241–249, 2008.
- YAMATO, M. et al. Effect of environmental gradient in coastal vegetation on communities of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Ixeris repens* (Asteraceae). **Mycorrhiza**, v. 22, n. 8, p. 623–630, 2012.
- YANG, H. et al. Selectivity by host plants affects the distribution of arbuscular mycorrhizal

fungi : evidence from ITS rDNA sequence metadata. **BMC Evolutionary Biology**, v. 12, n. 1, p. 50, 2012.

ZOBEL, M.; ÖPIK, M. Plant and arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) communities - which drives which? **Journal of Vegetation Science**, v. 25, n. 5, p. 1133–1140, 2014.

APÊNDICE A – DADOS CLIMÁTICOS UTILIZADOS NAS ANÁLISES

Anos	Precip Acum	tMax	tMed	tMin	Precip Acum	tMax	tMed	tMin
	RN	RN	RN	RN	FN	FN	FN	FN
2004	2447.0	29.7	26.4	23.0	1268.6	29.9	26.9	24.8
2005	1988.4	30.1	26.8	23.3	1043.5	30.2	27.3	25.1
2006	1536.2	30.0	26.7	23.1	1079.3	29.2	26.7	24.5
2007	1761.7	29.7	26.3	22.5	1796.5	29.7	26.8	24.7
2008	2485.1	29.8	26.6	23.9	1198.7	29.8	26.9	24.7
2009	2340.4	29.9	26.9	24.3	1790.5	30.0	26.9	24.8
2010	1183.4	30.6	27.1	24.4	1937.9	30.6	27.6	25.4
2011	2188.5	29.7	26.5	23.5	1110.9	30.0	27	24.7
2012	1241.2	29.6	26.4	23.2	1076.8	29.6	26.8	24.7
2013	1877.1	29.8	26.7	23.3	359.8	30.3	27.3	25.2
2014	1756.0	29.6	26.5	23.2	1204.9	30.2	27	24.9
	PB	PB	PB	PB	SE	SE	SE	SE
2004	2229.6	29.9	26.7	23.6	1142.5	29.5	26.3	23.2
2005	1940.7	30.2	27.2	24.4	1078.9	29.8	26.5	23.5
2006	1178.3	30.1	27.3	24.7	1443.5	29.2	26.3	23.5
2007	2003.9	29.9	26.8	23.8	1177.2	29.4	26.4	23.5
2008	2254.5	30.0	26.8	23.3	1364.1	29.8	26.6	23.5
2009	2544.5	30.3	26.9	23.1	1308.7	30.0	26.9	24.0
2010	1321.0	30.7	27.3	23.9	1233.4	30.3	26.9	23.9
2011	2414.0	30.2	27.0	24.3	1304.7	29.9	26.7	23.5
2012	1077.1	30.2	26.9	24.1	741.6	29.6	26.6	23.6
2013	2174.7	30.4	27.2	24.6	880.7	30.0	26.7	23.4
2014	1604.4	30.2	26.9	23.9	869.9	30.0	26.7	23.3
	RJ	RJ	RJ	RJ	IG	IG	IG	IG
2004	1073.6	29.6	24.8	21.4	1118.8	29.4	23.4	17.4
2005	1418.1	30.6	25.5	22.0	874.4	28.0	22.7	17.5
2006	1111.7	30.3	25.1	21.7	1617.4	28.4	23.0	17.6
2007	904.8	30.9	25.5	21.9	902.9	27.4	22.3	17.2
2008	1208.0	29.8	24.8	21.5	1546.7	29.4	23.8	18.3
2009	1386.9	30.8	25.7	22.2	1462.9	28.1	22.7	17.3
2010	1683.1	30.8	25.6	22.2	1497.6	28.3	23.1	18.0
2011	888.5	29.9	24.8	21.6	1103.8	29.6	24.2	18.7
2012	941.7	30.8	25.4	22.1	1207.1	30.8	24.7	18.6
2013	1341.2	29.5	24.9	21.7	1376.0	30.0	24.1	18.2
2014	585.0	29.8	25.4	22.0	900.1	29.7	23.8	17.8
	SC	SC	SC	SC	FL	FL	FL	FL
2004	1629.8	25.5	19.3	13.9	1968.4	24.9	20.8	17.4
2005	1759.2	26.3	19.8	14.5	1910.3	25.7	21.4	17.8
2006	1525.1	26.3	19.9	15.1	1141.6	25.5	21.3	17.5
2007	1726.5	26.0	19.8	15.2	1424.2	25.2	21.1	17.5
2008	1667.7	25.3	19.3	15.1	2888.9	24.9	20.7	17.2

Continuação Apêndice A

Anos	Precip Acum	tMax	tMed	tMin	Precip Acum	tMax	tMed	tMin
2009	2198.5	25.7	19.8	15.6	1804.3	25.3	21.2	17.5
2010	1969.8	25.7	19.9	15.6	2040.8	25.0	21.0	17.6
2011	2200.0	25.3	19.3	15.0	2260.1	24.8	20.7	17.2
2012	1363.4	27.2	17.4	15.6	1461.6	25.9	21.6	17.9
2013	1855.1	25.8	19.6	14.7	1668.7	25.2	20.9	17.2
2014	2061.2	26.9	21.8	16.4	1602.3	26.2	21.9	18.3

Precipitação anual acumulada (Prec Acum), temperatura média máxima (tMax), média das temperaturas médias máximas e mínimas (tMed) e temperatura média mínima (tMin). Dados compilados dos sites: INMET, AGRITEMPO e APAC. Fonte: A Autora, 2017.

APÊNDICE B – PRIMEIRO ARTIGO PUBLICADO

Acta Oecologica 79 (2017) 8–17



Contents lists available at ScienceDirect

Acta Oecologica

journal homepage: www.elsevier.com/locate/actoec

Changes in arbuscular mycorrhizal fungal communities along a river delta island in northeastern Brazil

Iolanda Ramalho da Silva ^{a,*}, Danielle Karla Alves da Silva ^b, Francisco Adriano de Souza ^c, Fritz Oehl ^d, Leonor Costa Maia ^a^a Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Universidade Federal de Pernambuco, Av. da Engenharia, s/n, Cidade Universitária, CEP 50740-600, Recife, PE, Brazil^b Laboratório de Microbiologia, Universidade Federal do Vale do São Francisco, Campus de Ciências Agrárias, Rodovia BR 407, Km 12, Lote 543, Projeto de Irrigação Nilo Coelho, s/n, "C1", Petrolina, PE CEP 56300-990, Brazil^c Embrapa Milho e Sorgo, Núcleo de Biologia Aplicada, Rod. MG 424 KM 45 - Bairro Esmeraldas, SN, Caixa Postal 285, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG, Brazil^d Agriscience, Ecotoxicology, Schloss 1, CH-8820 Wädenswil, Switzerland

ARTICLE INFO

Article history:

Received 28 July 2016

Received in revised form

20 December 2016

Accepted 30 December 2016

Keywords:

Arbuscular mycorrhiza

AMF community structure

Coastal ecosystems

Soil factors

ABSTRACT

Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) play a key role in the maintenance of the balance of terrestrial ecosystems, but little is known about the biogeography of these fungi, especially on tropical islands. This study aims to compare AMF community structure along a transect crossing a fluvial-marine island and relate these communities with soil and vegetation parameters to shed light on the forces driving AMF community structure on a local scale. We tested the hypothesis that the composition of AMF communities changes across the island, even within short distances among sites, in response to differences in edaphic characteristics and vegetation physiognomies. We sampled roots and soils in five different natural and degraded habitats: preserved mangrove forest (MF), degraded mangrove forest (MD), natural Restinga forest (RF), and two regeneration Restinga forests (RR1 and RR2) on Ilha da Restinga, northeastern Brazil. We determined the mycorrhizal colonization rate and AMF community structure based on morphological spore identification. The island soils were sandy with pH varying from acid to neutral; higher levels of organic matter were registered in RF and lower in MF; other chemical and physical soil attributes differed along the habitat types on the island. In total, 22 AMF species were identified, without any difference in species richness. However, the diversity and composition of AMF communities, spore abundance per families, and mycorrhizal colonization were statistically different among the habitats. The composition of AMF communities was strongly related to soil characteristics, especially the sum of exchangeable bases. Our results indicate that the different habitat types have diverse AMF communities even within short distances among habitats. In conclusion, islands with high spatial heterogeneity in soil parameters and diverse vegetation are potential refuges for the diversity conservation of AM fungi.

© 2017 Elsevier Masson SAS. All rights reserved.

1. Introduction

Several factors may affect species community structure and distribution along spatial and temporal scales (Gotelli and Graves, 1996; Chase, 2003). On a local scale, environmental heterogeneity, abiotic, edaphic and micro-climatic factors are responsible for

the maintenance of biological communities, while at larger scales, the historical-geological processes and regional climatic conditions are the main factors affecting community structure and influencing speciation, colonization and extinction of species (Buckley and Jetz, 2007; Dobrovolski et al., 2012).

Islands have been considered key environments to perform studies on ecological and evolutionary aspects of species. Terrestrial (or continental) islands are separated from the mainland environments by geographic barriers, decreasing accessibility and connection between island and mainland biological communities (MacArthur and Wilson, 1967; Walter, 2004). These islands

* Corresponding author. Departamento de Micologia, Universidade Federal de Pernambuco, Av. da Engenharia, s/n, Cidade Universitária, CEP 50740-600, Recife, PE, Brazil.

E-mail address: iolandaramalho@yahoo.com.br (I.R. da Silva).

<http://dx.doi.org/10.1016/j.actoec.2016.12.011>

1146-609X/© 2017 Elsevier Masson SAS. All rights reserved.

APÊNDICE C – SEGUNDO ARTIGO PUBLICADO

Microb Ecol
DOI 10.1007/s00248-017-0979-x



PLANT MICROBE INTERACTIONS

Patterns of Arbuscular Mycorrhizal Fungal Distribution on Mainland and Island Sandy Coastal Plain Ecosystems in Brazil

Iolanda Ramalho da Silva¹ · Francisco Adriano de Souza² ·
Danielle Karla Alves da Silva³ · Fritz Oehl⁴ · Leonor Costa Maia¹

Received: 29 January 2017 / Accepted: 28 March 2017
© Springer Science+Business Media New York 2017

Abstract Although sandy coastal plains are important buffer zones to protect the coast line and maintain biological diversity and ecosystem services, these ecosystems have been endangered by anthropogenic activities. Thus, information on coastal biodiversity and forces shaping coastal biological diversity are extremely important for effective conservation strategies. In this study, we aimed to compare arbuscular mycorrhizal (AM) fungal communities from soil samples collected on the mainland and nearby islands located in Brazilian sandy coastal plain ecosystems (*Restingas*) to get information about AM fungal biogeography and identify factors shaping these communities. Soil samples were collected in 2013 and 2014 on the beachfront of the tropical sandy coastal plain at six sites (three island and three mainland locations) across the

northeast, southeast, and south regions of Brazil. Overall, we recorded 53 AM fungal species from field and trap culture samples. The richness and diversity of AM fungal species did not differ between mainland and island locations, but AM fungal community assemblages were different between mainland and island environments and among most sites sampled. Glomeromycota communities registered from island samples showed higher heterogeneity than communities from mainland samples. Sandy coastal plains harbor diverse AM fungal communities structured by climatic, edaphic, and spatial factors, while the distance from the colonizing source (mainland environments) does not strongly affect the AM fungal communities in Brazilian coastal environments.

Keywords Glomeromycota · AM fungi · Communities · Coastal environments · Environmental factors

Electronic supplementary material The online version of this article (doi:10.1007/s00248-017-0979-x) contains supplementary material, which is available to authorized users.

✉ Iolanda Ramalho da Silva
iolandaramalho@yahoo.com.br

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Universidade Federal de Pernambuco, Av. da Engenharia, s/n, Cidade Universitária, CEP 50740-600 Recife, PE, Brazil

² Embrapa Milho e Sorgo, Núcleo de Biologia Aplicada, Rod. MG 424 KM 45, Bairro Esmeraldas, s/n, Caixa Postal 285, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, Brazil

³ Laboratório de Microbiologia, Universidade Federal do Vale do São Francisco, Campus de Ciências Agrárias, Rodovia BR 407, Km 12, Lote 543, Projeto de Irrigação Nilo Coelho, s/n, "C1", CEP 56300-990 Petrolina, PE, Brazil

⁴ Agroscope, Ecotoxicology, Schloss 1, CH-8820 Wädenswil, Switzerland

Introduction

The beachfront region of the sandy coastal plain ecosystem is a key zone to buffer the advance of the sea and stabilize sand particles. This zone has been endangered by several factors including urbanization and sea level advance as a response to global warming [1]. The occurrence and community structure of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi in the sandy coastal plain ecosystem are likely key for the maintenance of stable vegetation in such a harsh environment [2], as AM fungi provide several ecological services to their host plants and aid in developing soil structure [3–5].

Studies of AM fungal communities in sandy coastal plain ecosystems have shown that AM fungi are locally diverse and their community assemblages are influenced by plant and soil characteristics [6–8]. On a regional scale, to our knowledge,