

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS**

ARAESKA CARENNA DE ALMEIDA FERREIRA BEZERRA

**INFLUÊNCIA DE DISTÚRBIOS ANTRÓPICOS E MUDANÇAS
TEMPORAIS SOBRE OS FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES
(FMA) NO SEMIÁRIDO**

**Recife
2017**

ARAESKA CARENNA DE ALMEIDA FERREIRA BEZERRA

**INFLUÊNCIA DE DISTÚRBIOS ANTRÓPICOS E MUDANÇAS
TEMPORAIS SOBRE OS FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES
(FMA) NO SEMIÁRIDO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências Biológicas.

Orientadora: Dra. Leonor Costa Maia
Co-orientadora: Dra. Elaine Malosso

**Recife
2017**

Catálogo na fonte
Elaine Barroso
CRB 1728

Bezerra, Araeska Carena de Almeida Ferreira

Influência de distúrbios antrópicos e mudanças temporais sobre os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) no semiárido / Araeska Carena de Almeida Ferreira Bezerra- 2017.

90 folhas: il., fig., tab.

Orientadora: Leonor Costa Maia

Coorientadora: Elaine Malosso

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Pernambuco. Centro de Biociências. Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Recife, 2017.

Inclui referências e apêndices

1. Micorriza vesículo-arbuscular 2. Caatinga 3. Catimbau (Buíque)

I. Maia, Leonor Costa (orient.) II. Malosso, Elaine (coorient.) III.

Título

579.5

CDD (22.ed.)

UFPE/CB-2018-037

ARAESKA CARENNA DE ALMEIDA FERREIRA BEZERRA

**INFLUÊNCIA DE DISTÚRBIOS ANTRÓPICOS E MUDANÇAS
TEMPORAIS SOBRE OS FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES
(FMA) NO SEMIÁRIDO**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação
em Ciências Biológicas da Universidade
Federal de Pernambuco, como requisito parcial
à obtenção do título de Doutor em Ciências
Biológicas

Aprovada: 30/06/2017

COMISSÃO EXAMINADORA

Dra. Leonor Costa Maia/Universidade Federal de Pernambuco

Dra. Adriana Mayumi Yano Melo/Universidade Federal do Vale do São Francisco

Dra. Danielle Karla Alves da Silva/Universidade Federal do Vale do São Francisco

Dra. Iolanda Ramalho da Silva/Universidade Federal de Pernambuco

Dra. Renata Gomes de Souza/ PRORURAL

*Aos meus pais Marco Antonio e Hosana,
À minhas irmãs Anuska, Aruska e Sheynna e meu irmão Sharlestow,
Á minha sobrinha Ana Júlia,
Ao meu esposo Claudemir e ao meu filho Carlos Eduardo
Dedico*

AGRADECIMENTOS

A Deus por estar presente em cada segundo de minha vida, instruindo-me no caminho que devo seguir e dando-me forças para percorrê-lo.

Aos meus pais, Marco Antonio Ferreira e Hosana de Almeida Ferreira, pelo amor, carinho e compreensão que sempre tiveram e por acompanhar-me nesta caminhada, jamais deixando de acreditar na concretização deste nosso sonho.

Às minhas irmãs, Anuska, Aruska e Sheynna e ao meu irmão Sharlestow pelo amor, carinho, apoio e amizade no decorrer do trabalho.

Ao meu esposo, Claudemir Lopes, pelo carinho, amor, alegrias e compreensão que sempre teve por mim e por estar sempre presente na minha vida, me apoiando desde o início do curso, vibrando com minhas conquistas.

Ao meu filho Carlos Eduardo por ser o anjo mais lindo enviado por DEUS trazendo amor, alegria e iluminando a minha vida e de toda a minha família. Sua chegada trouxe acalento e forças para que eu conseguisse chegar ao final dessa caminhada.

Ao amigo e cunhado Inácio Pascoal pela amizade sincera e ombro amigo nas dificuldades que passamos no decorrer dessa caminhada, que embora distante sempre esteve muito presente nessa jornada.

Ao amigo Angelo Santana pela amizade sincera, alegrias e ombro amigo sempre que precisei.

Às amigas Indra Escobar, Joana Suassuna e Vilma Santos pela amizade sincera, alegrias, força e ombro amigo nos momentos difíceis e pela ajuda indispensável na realização deste trabalho.

À amiga Danielle Karla pela força e ajuda indispensável na realização deste trabalho.

Ao amigo José Hilton pela ajuda em algumas práticas laboratoriais.

À amiga Kátia Rito pela amizade, conversas, apoio, suporte e por todo convívio em campo e durante as coletas.

À Universidade Federal de Pernambuco, pela contribuição à minha formação ao nível de pós-graduação.

À Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (FACEPE) pelo suporte financeiro no decorrer deste trabalho e pela concessão da bolsa de estudo.

À professora e orientadora Leonor Costa Maia, pela orientação, confiança e apoio na execução deste trabalho.

À professora Elaine Malosso, pela co-orientação, confiança e pelas valiosas considerações feitas ao trabalho.

Ao amigo Bruno Goto pela contribuição na identificação das espécies de FMA.

Aos amigos do Laboratório de Micorrizas pelo convívio e troca de conhecimentos: Angelo Santana, Anuska Ferreira, Camilla Maciel, Cláudia Lima, Daniele Karla, Daniele Magna, Edvaneide Leandro, Frederico Marinho, Inácio Pascoal, Indra Escobar, Ingrid Lino, Iolanda Ramalho, Joana Suassuna, José Hilton, João Oliveira, Juliana Pontes, Larissa Vieira, Marcela Barbosa, Mayra Silva, Natália Souza e Vilma Santos.

A todos aqueles que ajudaram, direta ou indiretamente, na realização deste trabalho.

RESUMO

A biodiversidade da Caatinga vem sendo intensamente ameaçada por perturbações antropogênicas crônicas, caracterizada pela remoção frequente e contínua de pequenas porções da biomassa vegetal, alterando as comunidades bióticas e suas interações biológicas. Entre essas comunidades, estão os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) que proporcionam diversos benefícios, sendo cruciais para a manutenção dos ecossistemas naturais, principalmente em ambientes semiáridos, sujeitos a fortes ações antrópicas e mudanças climáticas. O objetivo deste estudo foi avaliar a influência das pressões antrópicas crônicas e diferentes condições temporais ao longo de um ano sobre os FMA em áreas de floresta tropical seca no nordeste brasileiro. Amostras de solo foram coletadas em dezembro/2013 (transição período seco/chuvoso), março/2014 (período chuvoso) e setembro/2014 (período seco) em áreas com diferentes níveis de perturbação antropogênica: áreas não perturbadas (NP-Controle), com perturbação intermediária (PINT) e perturbação elevada (PELV). As propriedades químicas e físicas do solo diferiram entre todas as áreas e períodos estudados. O número de glomerosporos, colonização micorrízica, número de propágulos infectivos de FMA e quantidade de proteína do solo relacionada à Glomalina (PSRG), e a composição da comunidade de FMA não diferiram entre as áreas sem e com perturbação, entretanto foram diferentes em relação aos períodos de amostragem. Não houve correlação das características do solo e espécies de plantas com a atividade e a composição das comunidades fúngicas. Considerando a variação temporal, apenas a colonização micorrízica e a fração total da proteína relacionada à glomalina diferiram, apresentando maiores valores nos períodos de transição seco/chuvoso e seco. Foram identificadas 68 espécies de FMA, sendo os gêneros *Acaulospora* e *Glomus* os mais representativos. *Acaulospora* sp.4 foi indicadora do período chuvoso, enquanto *Acaulospora* sp.5 e *Acaulospora* sp.6 foram consideradas indicadoras da estação seca. Nenhuma espécie foi considerada indicadora de níveis de perturbação da vegetação. Não houve diferença para a riqueza, equitabilidade e diversidade de Shannon entre as áreas. Entre os períodos de amostragem foi observada diferença apenas para diversidade apresentando menor valor no período seco. O número de taxa virtual (VT) encontrado nas amostras de solo e raiz foi 43 e 51, respectivamente, com a predominância de *Glomus* em ambos os habitats.

Palavras-Chaves: Glomeromycota. Ações antropogênicas crônicas. Sazonalidade. Atividade micorrízica. Semiárido.

ABSTRACT

The Caatinga biodiversity has been intensely threatened by chronic anthropogenic disturbances, characterized by the frequent and continuous removal of small portions of the plant biomass, altering the biotic communities and their biological interactions. Among these communities are the arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) provide several benefits, being crucial for the maintenance of natural ecosystems, especially in semiarid environments subjected to strong anthropogenic actions and climatic changes. However, they have not yet been considered in research related to the impacts of chronic anthropogenic disturbances. The aim of this study was to evaluate the influence of chronic anthropic pressures and different temporal conditions over one year on the AMF in areas of tropical dry forest in the Brazilian northeast. Soil samples were collected in December/2013 (transition period dry/rainy), March /2014 (rainy season) and September/2014 (dry season) in areas with different levels of anthropogenic disturbance: non-disturbed Control areas (NP-Controle), intermediate disturbance (PINT) and elevated disturbance (PELV). The chemical and physical properties of the soil differed between all disturbance levels and periods. Mycorrhizal activity (number of glomerospores, mycorrhizal colonization, most probable number of AMF infective propagules, and glomalin related soil proteins) and AMF community composition did not differ between disturbance levels however they were different in relation to the sampling periods. There was no correlation of soil characteristics and plant species with the activities and composition of the fungal communities. Considering the temporal variation, only the mycorrhizal colonization and the total glomalin related soil protein differed, with higher values in the dry/rainy transition and dry periods. It has been identified 68 species of AMF, being the genera *Acaulospora* and *Glomus* the most representative. *Acaulospora* sp.4 was indicative of the rainy season, while *Acaulospora* sp.5 and *Acaulospora* sp.6 were considered indicative of the dry season. These were species considered indicative of levels of vegetation disturbance. There was no difference in the richness, equitability and Shannon diversity between areas. However, the total number of individuals was lower in the NP-Control area. Among the sampling periods, differences were observed only for diversity, showing lower in the dry period. The number of virtual taxa (VT) found in soil and root samples was 43 and 51, respectively, with the predominance of *Glomus* in both habitats. The genus *Gigaspora* was found only in the root samples.

Key words: Glomeromycota. Chronic anthropogenic action. Seasonality. Mycorrhizal activity. Semiarid.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Estruturas dos FMA. a: arbúsculo; b: vesícula; c: esporo; d: células auxiliares.....	23
Figura 2. Gêneros de FMA registrados no semiárido brasileiro	25
Figura 3. Localização do Parque Nacional do Catimbau	29
Figura 4. Mapa de tipos de solo do Parque Nacional do Catimbau –PE.....	30
Figura 5. Precipitação pluviométrica média (mm) dos últimos 10 anos e nos anos de coleta (2013 e 2014), registrada no município de Tupanatinga, PE	30
Figura 6. Representatividade, em número de espécies, dos gêneros de FMA em área semiárida, no Parque Nacional do Catimbau – PE.....	41
Figura 7. Curva de acumulação de espécies de FMA, independente do período de coleta, nas áreas com diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica (a. NP-Controle; b. PINT; c. PELV) no semiárido Brasileiro no Parque Nacional do Catimbau-PE	45
Figura 8. Mudanças na composição da comunidade de fungos micorrízicos arbusculares, com base na ordenação NMS, nos solos em diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica (a) e períodos de amostragem (b) no Parque Nacional do Catimbau. Para essa análise foram utilizados dados de riqueza.....	47
Figura 9. Número de glomerosporos (a), percentagem de colonização micorrízica (b), número mais provável de propágulos infectivos de FMA (c), teores de proteínas do solo relacionadas à glomalina facilmente extraível (PSRG-FE) (d) e total (PSRG-T) (e) em áreas sem e com níveis crescentes de perturbação (NP-C: área não perturbada; PINT: perturbação intermediária e PELV: perturbação elevada), nos períodos amostrados, no Parque Nacional do Catimbau (PE). Barras com a mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$). Letras minúsculas comparam entre áreas no mesmo período e letras maiúsculas comparam a mesma área nos diferentes períodos	49
Figura 10. A atividade de fungos micorrízicos arbusculares, com base na ordenação NMDS, nos solos em diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica (a) e períodos de amostragem (b) no Parque Nacional do Catimbau- PE.....	51
Figura 11. Diagrama de Venn mostrando o número de VTs únicos e compartilhados entre as amostras de solo e raízes.	52
Figura 12. Riqueza de VTs de FMA (a) e percentual de sequências obtidas (b) no solo e em raízes coletados no Parque Nacional do Catimbau-PE.....	53

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classificação atual dos FMA	22
Tabela 2. Localização geográfica e altitude das áreas de coleta.....	32
Tabela 3. Propriedades químicas e físicas do solo em áreas de floresta seca no Parque Nacional do Catimbau – PE, sem e com níveis crescentes de perturbação antropogênica crônica: NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada	40
Tabela 4. Abundância relativa (%), classificação com base na frequência de ocorrência e espécies de FMA indicadoras em áreas sem e com níveis crescentes de perturbação (NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada) nas coletas realizadas nos períodos de transição seco/chuvoso (I), chuvoso (II), e seco (III) no Parque Nacional do Catimbau – PE, no semiárido Brasileiro.	43
Tabela 5. Riqueza de espécies de FMA (S), índices de diversidade de Shannon-Wiener (H') e equitabilidade de Pielou (J') em áreas com diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica: NP-Controle- sem perturbação PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada e em período de amostragem, no semiárido Brasileiro no Parque Nacional do Catimbau-PE	46
Tabela 6. Abundância relativa (%) dos VTs de FMA em amostras de solo e raízes de áreas sem e com dois níveis de perturbação (NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada) nas coletadas nos períodos de transição seco/chuvoso (I), chuvoso (II), e seco (III) no Parque Nacional do Catimbau-PE	55

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	15
2.1 SEMIÁRIDO BRASILEIRO	15
2.2 PERTURBAÇÕES ANTROPOGÊNICAS NO SEMIÁRIDO	16
2.3 PARQUE NACIONAL DO CATIMBAU (PARNA CATIMBAU).....	18
2.4 MICORRIZAS ARBUSCULARES	21
2.5 DIVERSIDADE DE FMA NO SEMIÁRIDO	24
2.6 FERRAMENTAS UTILIZADAS NA IDENTIFICAÇÃO DOS FMA.....	26
3 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS.....	29
3.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE ESTUDO	29
3.2 LOCAIS DE ESTUDO.....	31
3.3 COLETA DE AMOSTRAS	32
3.4 ANÁLISE DO SOLO	32
3.5 ECOLOGIA E DIVERSIDADE DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES ...	33
3.5.1 Identificação morfológica das espécies de FMA	33
3.5.2 Culturas armadilha	33
3.5.3 Análises ecológicas e estatísticas.....	34
3.6. ATIVIDADE MICORRÍZICA.....	35
3.6.1 Colonização micorrízica.....	35
3.6.2 Número de propágulos infectivos de FMA.....	36
3.6.3 Quantificação de proteínas do solo relacionadas à Glomalina (PSRG)	36
3.6.4 Análises estatísticas	36
3.7 ANÁLISES MOLECULARES	37
3.7.1 Extração de DNA de amostras de solo e raízes	37
3.7.2 Preparo da biblioteca de amplicons e sequenciamento de DNA	37
3.7.3 Análise de bioinformática das sequências	38
3.7.4 Identificação taxonômica das sequências	38
3.7.5 Análises – Riqueza Molecular de FMA	39
4 RESULTADOS	39

4.1 PROPRIEDADES QUÍMICAS E FÍSICAS DO SOLO	39
4.2 ECOLOGIA E DIVERSIDADE DE FMA	41
4.3 ATIVIDADE MICORRÍZICA.....	48
4.4 ANÁLISES MOLECULARES	51
5 DISCUSSÃO.....	57
5.1 ANÁLISES MOLECULARES	62
6 CONCLUSÕES.....	65
REFERÊNCIAS	66
APÊNDICE A - ESPÉCIES DE FMA REGISTRADAS EM ÁREAS DE CAATINGA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO	83
APÊNDICE B – ESPÉCIES DE PLANTAS EM ÁREAS SEM E COM NÍVEIS CRESCENTES DE PERTURBAÇÃO NO PARNA DO CATIMBAU.....	87
APÊNDICE C - FOTOMICROGRAFIAS DE GLOMEROSPOROS ENCONTRADOS NO PARQUE NACIONAL DO CATIMBAU FMA	90

1 INTRODUÇÃO

A Caatinga, maior floresta tropical sazonalmente seca (FTSS) do Brasil, está entre as florestas mais ameaçadas do mundo sendo intensamente alterada por atividades antrópicas, principalmente de natureza crônica (MARTORELL; PETERS, 2005, 2009), que se caracteriza pela remoção frequente e contínua de pequenas porções da biomassa vegetal (SINGH, 1998). Este tipo de perturbação pode alterar a biodiversidade dos ecossistemas, influenciando o crescimento e a mortalidade de populações, reduzindo a riqueza e a diversidade de espécies das comunidades e causando alterações no fluxo de nutrientes, colocando em risco as comunidades bióticas e suas interações biológicas (MARTÍNEZ; PUGNAIRE, 2009; PAGANO; SCOTTI; CABELLO, 2011; RIBEIRO et al., 2015).

Associadas a essas perturbações, alterações sazonais podem agravar ainda mais esse cenário, principalmente em regiões semiáridas, uma vez que esse ambiente impõe, devido às suas características naturais, fortes filtros ambientais que controlam os padrões de crescimento e a reprodução dos organismos (MORO et al., 2016; RITO et al., 2016).

A maioria das pesquisas realizadas sobre o impacto dessas perturbações antropogênicas e sazonais leva em conta apenas as comunidades de plantas e animais acima do solo (RIBEIRO-NETO et al., 2016; RIBEIRO et al., 2015; RITO et al., 2016), sem considerar o impacto sobre as comunidades microbianas no solo que são essenciais para a manutenção dos ecossistemas (SILVA et al., 2015). Entre esses, os fungos micorrízicos arbusculares (FMA), que atuam na ciclagem de nutrientes e proporcionam benefícios para o ambiente.

Pertencentes ao filo Mucoromycota e subfilo Glomeromycotina (SPATAFORA et al., 2016), os FMA formam associação mutualística com as raízes da maioria das plantas terrestres (SMITH; READ, 2008). Nessa relação, a planta fornece fotossintatos para o fungo que, em troca, beneficia o vegetal, contribuindo para aumento da absorção de água e nutrientes minerais do solo (SMITH; SMITH, 2012); proporcionando maior tolerância a patógenos (SIKES; COTTENIE; KLIRONOMOS, 2009), à seca e ao excesso de salinidade (ESTRADA et al., 2013), entre outros fatores abióticos.

Além disso, os FMA contribuem para a manutenção e estabilidade edáfica, pois auxiliam na agregação do solo, facilitando o intercâmbio gasoso e hídrico, melhorando a qualidade do solo e desempenhando um papel importante no estabelecimento, adaptação e composição da comunidade vegetal (SMITH; READ, 2008). Assim, são fundamentais para

manutenção dos ecossistemas naturais, principalmente em ambientes semiáridos (MONTAÑO et al., 2012), sujeitos a fortes ações antrópicas e mudanças sazonais.

Atualmente, para contornar as limitações dos métodos tradicionalmente utilizados em pesquisas sobre os FMA e na tentativa de aumentar as possibilidades de identificação taxonômica, técnicas moleculares tornaram-se padrão nos estudos deste grupo de fungos (GORZELAK et al., 2012). Essas técnicas vêm ampliando o conhecimento taxonômico e ecológico sobre os FMA, permitindo a identificação taxonômica a partir de esporos coletados diretamente do campo, raízes colonizadas e amostras de solo (HIGO et al., 2013; KHAKPOUR; KHARA, 2012; KIVLIN; HAWKES; TRESEDER, 2011; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017).

As associações micorrízicas arbusculares funcionam como vínculos vitais entre as comunidades acima e abaixo do solo e mudanças antropogênicas e sazonais, além de causar impacto na comunidade vegetal, podem afetar a comunidade de FMA, alterando a riqueza, a diversidade desses fungos, e influenciando os custos e benefícios da simbiose (JOHNSON et al., 2013; SINGH et al., 2010; YANG et al., 2013).

A maioria dos estudos sobre os impactos das atividades humanas nas comunidades de FMA foram conduzidos em áreas com perturbações antrópicas agudas, tais como: agrossistemas, áreas desmatadas, ou usadas para mineração e pastagem (DANDAN; ZHIWEI, 2007; MENEZES et al., 2016; MERGULHÃO et al., 2010; SCHNOOR et al., 2011; TIAN et al., 2009; TREJO; BAROIS; SANGABRIEL-CONDE, 2016). Entretanto, é escasso o conhecimento sobre a resposta das comunidades de FMA aos efeitos das perturbações antrópicas crônicas nos ecossistemas (GAO et al., 2016; SOKA; RITCHIE, 2014).

Considerando que os FMA são cruciais para o funcionamento dos ecossistemas terrestres, estudos sobre os padrões de distribuição e diversidade de FMA, e suas respostas aos distúrbios antropogênicos e variações sazonais em florestas tropicais secas são necessários para entender as interações planta-fungo (MARTÍNEZ-GARCÍA, 2011). Do mesmo modo, informações sobre esses fungos servem para prever mudanças nas comunidades bióticas dos ecossistemas, sendo fundamentais para o entendimento da manutenção da biodiversidade e do funcionamento de ecossistemas em cenários de mudança global (SINGH et al., 2010).

Nesse contexto, as seguintes hipóteses foram testadas: 1) As áreas com perturbações antropogênicas crônicas apresentam menor atividade micorrízica e diversidade de FMA em ecossistemas do semiárido; 2) A atividade micorrízica e a diversidade de FMA são menores na estação seca; 3) os FMA são mais suscetíveis às variações sazonais na área perturbadas. Objetivou-se avaliar a influência das perturbações antropogênicas crônicas e diferentes

condições temporais ao longo de um ano sobre a atividade micorrízica e a comunidade de FMA em área de floresta tropical seca no nordeste brasileiro.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 SEMIÁRIDO BRASILEIRO

A Caatinga ocupa uma área de aproximadamente um milhão de km², representando 63% da Região Nordeste e 12% do território Nacional. Este bioma exclusivamente brasileiro abrange a maior parte dos estados do Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Alagoas, Sergipe e Bahia, além de pequenas porções do norte de Minas Gerais (MEDEIROS et al., 2012).

O clima da região caracteriza-se por curto período de chuvas (3 a 6 meses) e alta variação de precipitação interanual ocasionada por fenômenos de escala global (ARAÚJO, 2011). A precipitação média anual oscila de cerca de 300 mm na Paraíba até um pouco mais de 1.000 mm nas áreas limites da Caatinga. A temperatura média anual varia de 23 a 27 °C, com elevado potencial de evapotranspiração (2.500 mm.ano⁻¹) e umidade relativa em torno de 50%, ocasionando déficit de umidade no solo durante a maioria dos meses do ano (MENEZES et al., 2012; SAMPAIO, 2010).

A Caatinga apresenta relevo variando de plano a ondulado com altitude média variando entre 400 e 500 m, podendo atingir mais de 1.000 m em alguns pontos extremos (Planalto da Borborema) e ultrapassar os 2.000 m na Bahia. Os solos são predominantemente rasos, com texturas que diferem quanto ao material de origem, podendo ser desde arenosos, com baixa capacidade de retenção de água e percolação mais fácil, a solos argilosos, com moderada drenagem e permeabilidade lenta (SAMPALIO, 2010). Embora pobres em matéria orgânica e bastante susceptíveis à erosão quando não há vegetação, esses solos são ricos em sais minerais solúveis (ALVES; ARAÚJO; NASCIMENTO, 2009).

A Caatinga apresenta alta diversidade de espécies vegetais, animais e de fungos, com registro de aproximadamente 4320 espécies de plantas (FORZZA et al., 2012), 221 de abelhas, 241 de peixes, 177 de répteis, 79 de anfíbios, 591 de aves, 178 espécies de mamíferos (MMA, 2017) e 999 de fungos (MAIA et al., 2015).

A vegetação da Caatinga é resultante da interação entre fatores climáticos, geomorfológicos e edáficos e caracteriza-se por apresentar plantas adaptadas às condições de estresse impostas pelo ambiente (ANDRADE-LIMA, 1981). Predomina a floresta seca

composta de vegetação xerófila de porte arbóreo, arbustivo e herbáceo (abundante no período chuvoso), geralmente dotadas de espinhos, com microfilia, sendo caducifólias na estação seca. As principais famílias representadas neste ambiente são: Caesalpinaceae, Mimosaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae e Cactaceae (LEAL et al., 2005).

Embora, ao longo dos últimos anos, estudos sobre a Caatinga venham aumentando consideravelmente, ainda há muitas lacunas no conhecimento científico deste bioma, havendo necessidade de se ampliar os dados sobre a biodiversidade existente, o que é fundamental para o entendimento da evolução, ecologia e conservação das comunidades locais.

2.2 PERTURBAÇÕES ANTROPOGÊNICAS NO SEMIÁRIDO

As perturbações ambientais naturais ou antrópicas modificam os ecossistemas, podendo alterar a estrutura das populações biológicas, os recursos naturais, a disponibilidade de nutrientes e as condições físicas do ambiente (WHITE; PICKETT, 1985). Essas perturbações podem ser agudas quando ocasionam a descaracterização do local, por meio de eventos como desmatamento, corte raso, queima da vegetação e mineração; e crônicas quando ocorrem de forma lenta e constante, não alterando o ambiente de maneira drástica, modificando-o gradualmente, como por exemplo a extração de madeira ou a criação extensiva/semiextensiva de animais (MARTORELL; PETERS, 2005; SINGH, 1998). As consequências dessas perturbações tornam-se mais graves quando ocorrem em florestas tropicais sazonalmente secas, consideradas entre os ecossistemas mais ameaçados do mundo (OLIVEIRA, 2011).

A Caatinga, maior floresta tropical sazonalmente seca do Brasil, vem sendo intensamente alterada por atividades antrópicas, uma vez que parte da população local depende do solo e dos recursos naturais desse ambiente (HIROTA et al., 2011; MEDEIROS et al., 2012). O uso indevido do solo e a prática de extração indiscriminada dos recursos florestais resultam na degradação da cobertura vegetal e do solo, aumentando a extensão de áreas desertificadas ou em processo de desertificação (MMA, 2017).

Em regiões semiáridas as perturbações antrópicas crônicas são mais frequentes e caracterizam-se pela remoção contínua de pequenas porções da biomassa vegetal, por atividade de extração seletiva de madeira e/ou criação extensiva de animais (RITO et al., 2016). O efeito deste tipo de perturbação, embora gradativo, afeta a biodiversidade em

diferentes níveis tróficos alterando o funcionamento dos ecossistemas (MARTORELL; PETERS, 2005, 2009; SINGH, 1998).

Além dos problemas de ordem antrópica, a Caatinga vem sendo ameaçada pelas mudanças climáticas globais que estão ocasionando o aumento da temperatura e diminuição da precipitação afetando a produção agrícola, os recursos hídricos, a biodiversidade e a acelerando o processo de desertificação (ANGELOTTI; SÁ; MELO, 2009). Além disso, o clima extremo da Caatinga impõe filtros ambientais que controlam os padrões de crescimento e a reprodução dos organismos (MORO et al., 2016; RITO et al., 2016; TABARELLI; PINTO; LEAL, 2009).

As perturbações antrópicas e as mudanças climáticas influenciam diretamente a estrutura das comunidades biológicas acima e abaixo do solo (BELLO et al., 2013), ocasionando perda do habitat e da biodiversidade. Acima do solo, o aumento do dióxido de carbono atmosférico, as mudanças de temperatura e precipitação e a disponibilidade de nutrientes (BALSER; GUTKNECHT; LIANG, 2010) podem ocasionar mudanças na composição taxonômica e funcional da comunidade de plantas (RIBEIRO et al., 2015; RITO et al., 2016; ZANIN; ALBERNAZ, 2016) e de formigas (GIBB et al., 2015; RIBEIRO-NETO et al., 2016). Abaixo do solo, a comunidade microbiana é moldada pelas respostas da vegetação às modificações ambientais, as quais afetam a estrutura física da rizosfera e a qualidade e quantidade de carbono que entra no sistema do solo (BALSER; GUTKNECHT; LIANG, 2010). Além disso, tanto acima quanto abaixo do solo, as perturbações antrópicas impõem filtros ambientais que interferem na distribuição das espécies, favorecendo as mais tolerantes e menos sensíveis e ocasionando diminuição da diversidade, o que muitas vezes leva à homogeneização da comunidade (LÔBO et al., 2011; RIBEIRO-NETO et al., 2016).

Impacto negativo na diversidade de espécies de plantas em função da intensidade da perturbação foi observado por Ribeiro et al. (2015) ao analisarem o efeito de perturbação antropogênica crônica sobre vegetação da Caatinga.

Estudando os efeitos da precipitação, e da perturbação crônica e aguda sobre a diversidade e outros parâmetros ao longo de um gradiente na Caatinga, Rito et al. (2016) sugeriram que a precipitação é um dos principais filtros ambientais determinando a distribuição das espécies vegetais. Os autores também observaram que as comunidades expostas à maior perturbação e a menor disponibilidade hídrica são dominadas por espécies adaptadas ao estresse e ao distúrbio.

Abordando os efeitos da perturbação antropogênica crônica sobre as comunidades de plantas e formigas na Caatinga, Ribeiro-Neto et al. (2016) sugeriram que a perturbação influencia a diversidade e a composição das comunidades, sendo as plantas mais afetadas que as formigas. Esses autores observaram que ocorre uma reestruturação taxonômica ao longo do gradiente de perturbação, com a presença de espécies adaptadas ao distúrbio resultando em homogeneização biótica.

A maioria dos estudos que abordam os impactos dos distúrbios antropogênicos e mudanças climáticas levam em consideração apenas as comunidades vegetais e animais (RIBEIRO-NETO et al., 2016; RIBEIRO et al., 2015; RITO et al., 2016), sem avaliar os efeitos sobre os microrganismos do solo, essenciais para a manutenção dos ecossistemas terrestres (SILVA et al., 2015).

Assim, tornam-se necessários estudos sobre as comunidades microbianas do solo e suas respostas aos distúrbios antropogênicos e às mudanças climáticas em florestas tropicais secas para saber como os efeitos dessas perturbações influenciam os ecossistemas (GAO et al., 2016; SOKA; RITCHIE, 2014).

2.3 PARQUE NACIONAL DO CATIMBAU (PARNA CATIMBAU)

O Parque Nacional do Catimbau (PARNA Catimbau), criado em 22 de agosto de 2002 (Decreto 913/12), é uma Unidade de Conservação de Proteção Integral que está localizada sobre a bacia Tucano-Jatobá, com área de 62.300 ha distribuídos nos municípios pernambucanos de Buíque, Ibimirim e Tupanatinga (SENA et al., 2012).

O clima é semiárido do tipo Bsh (Classificação Köppen), com chuvas anuais que variam de 650 a 1100 mm, concentradas de março/abril até junho/julho. Os solos estão sobre bacias sedimentares, classificados principalmente como Neossolos Quartzarênicos, Planossolo e Neossolos Litólicos (SILVA-JUNIOR, 2013).

A vegetação no PARN Catimbau é composta predominantemente por Caatinga, apresentando estratos arbóreo, arbustivo e herbáceo. O PARN Catimbau apresenta flora e fauna com grande número de espécies endêmicas, sendo uma das áreas prioritárias para pesquisa científica (HAUFF, 2010).

Entre as várias espécies lenhosas, algumas consideradas endêmicas da Caatinga, estão presentes no PARN Catimbau (HAUFF, 2010). Entre essas, podemos destacar: *Croton blanchetianus* Baill. (“marmeleiros”, Euphorbiaceae), *Commiphora leptophloeos* (Mart.) J.B.

Gillet (“amburana de cambão”, Burseraceae), *Poincianella microphylla* (Mart. ex G.Don) L.P.Queiroz (“catingueira de porco”, Fabaceae).

***Croton blanchetianus* Baill.(Marmeleiro)**

O marmeleiro, pertencente à família Euphorbiaceae, é também conhecido popularmente como marmeleiro-da-caatinga, marmeleiro branco e marmeleiro-preto. A nomenclatura dessa espécie foi modificada de *C. sonderianus* para *C. blanchetianus*. É uma espécie pioneira, originária do Brasil e endêmica do bioma Caatinga, podendo se propagar por quase toda a área desse ecossistema apresentando altura e diâmetros relativamente baixos e um significativo número de representantes. É frequentemente encontrada em caatinga antropizada por ser considerada uma espécie tolerante a perturbações (ALVES et al., 2014). Devido à sua grande capacidade de rebrota na época das chuvas, seu rápido crescimento e germinação, queda de folhas que cria um ambiente mais favorável para outras plantas e pelo fato de não ser muito procurado pelo gado, o marmeleiro é uma espécie potencial para restauração de áreas degradadas e proteção dos solos contra erosão (MAIA-SILVA et al., 2012).

É bastante utilizada pelas populações rurais, principalmente para produção de lenha, construção de pequenos cercados para abrigar animais e defumação de casas contra muriçocas (ALVES et al., 2014). Além disso, serve de alimento para animais silvestres, sua madeira pode ser usada em cercas, ripas, caibros e linhas, e como suportes às culturas trepadeiras como tomate. As sementes do marmeleiro contêm alto teor de ácido oleico, podendo ser utilizado como óleo comestível. O marmeleiro, também, possui potencial medicinal (ROQUE; ROCHA; LOIOLA, 2010).

***Commiphora leptophloeos* (Mart.) J.B. Gillet (Amburana de Cambão)**

A amburana de cambão, pertencente à família Burseraceae, é uma espécie da flora brasileira, típica da vegetação de caatinga, também popularmente conhecida como imburana, umburana de cambão, imburana de espinho ou imburana vermelha. Ocorre com elevada frequência no vale médio do Rio São Francisco sendo uma espécie característica das caatingas xeromórficas do Nordeste brasileiro, e mais curiosamente do Chaco Pantaneiro e das matas Chaquenhás (Paraguai), onde apresenta dispersão ampla, porém descontínua (MMA, 2012).

No Brasil, é encontrada principalmente nos estados do Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Alagoas, Sergipe, Bahia e Mato Grosso. Alguns autores

levantam a hipótese de que a Amburana de cambão não é endêmica da caatinga sendo também encontrada no Mato Grosso do Sul e Goiás em florestas decíduas com uma composição florística relacionada àquela das Caatingas no nordeste do Brasil (GILLET, 1979).

(GILLET, 1979) relata que alguns gêneros poderiam ter entrado na América do Sul via Caatinga (ou vice-versa). *Commiphora* é um gênero de 185 espécies quase totalmente africanas e a única espécie americana conhecida desse gênero é *C. leptophloeos*, previamente reconhecida como *Bursera* simplesmente por ter sido coletada na América do Sul e não na África. Outra hipótese levantada é que *C. leptophloeos* evoluiu independentemente dos membros africanos do gênero a partir do estoque florístico de *Bursera* presente na América.

É uma espécie decídua, heliófila, pioneira, xerófila, de crescimento lento e que apresenta portes variáveis, conforme o ambiente onde se desenvolve. Prefere solos calcários, bem drenados e profundos. Floresce na época não chuvosa, com o surgimento da nova folhagem e a sua frutificação coincide com o início da queda das folhas (MMA, 2012).

Apresenta um alto potencial econômico que vai desde a utilização para carpintaria e marcenaria, como móveis de luxo, janelas, tabuado, gamelas, colheres, adorno, dornas, cambões, cangalhas e até instrumentos musicais como violino e cavaquinho. Também é bem utilizada na construção de cercas vivas e divisões de propriedades rurais bem como para lenha e carvão, apicultura, meliponicultura e quebra-vento em sistemas agroflorestais. É uma das espécies mais utilizadas para artesanato (esculturas, carrancas e etc). Além disso, suas cascas e sementes são utilizadas para fins medicinais indicada contra tosses, gripes, bronquites, inflamações do trato urinário, gastrite, úlceras e tratamento de feridas, entre outros usos (MMA, 2012).

A amburana de cambão possui uma madeira leve e suscetível ao apodrecimento, formando ocos, o que faz que seja considerada como uma das principais espécies para nidificação de abelhas sem ferrão (*Melipona* e *Trigona*), demonstrando uma importância para apifauna e criação de abelhas nativas. Um detalhe importante para a nidificação de abelhas nativas é que, aparentemente, há necessidade de ocos em árvores vivas (SILVA, 2013).

***Poincianella microphylla* (Mart. ex G.Don) L.P.Queiroz (Catingueira de porco)**

A catingueira de porco, pertencente à família Fabacea, é também conhecida popularmente como catingueira de folhas miúdas, catingueira rasteira, catingueirinho, pem-pem ou catinga de porco, pelo odor que suas folhas exalam. É uma espécie arbórea, pioneira,

registrada nos estados do Piauí, Pernambuco, Paraíba e Bahia, sendo endêmica do bioma Caatinga (FERREIRA, 2012).

Apresenta potencial forrageiro, os animais consomem principalmente a vagem e as folhas; como fonte madeireira, para a produção de lenha, carvão e estacas. Além disso, tem potencial medicinal (ALMEIDA; BANDEIRA, 2010).

Desde a criação, existem no PARNA Catimbau pequenos centros urbanos, agricultores, grandes proprietários, áreas de importância arqueológica, além de pequenos empreendimentos turísticos privados, dando origem a áreas com diferentes históricos de uso do solo e de pressão antrópica sobre a vegetação (PELD CATIMBAU/CNPQ, 2017). No local também são realizadas diversas pesquisas científicas, entre as quais as incluídas no Programa de Pesquisa Ecológica de Longa Duração (PELD), financiada pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), que visam conhecer melhor as características locais e a biodiversidade, de modo a gerar subsídios que contribuam para manutenção da riqueza biológica existente.

2.4 MICORRIZAS ARBUSCULARES

As micorrizas arbusculares constituem a mais antiga e difundida associação simbiótica entre plantas e fungos do solo, primordial para garantir a sobrevivência das plantas no planeta (BRUNDRETT; ABBOTT; JASPER, 1999). Os registros fósseis, os dados moleculares e as análises filogenéticas demonstram que esses fungos e a simbiose micorrízica surgiram durante o estabelecimento dos vegetais no ambiente terrestre, no período Devoniano, há 462 milhões de anos (SMITH; READ, 2008). Essas associações são comumente encontradas na natureza, sendo formadas exclusivamente por fungos micorrízicos arbusculares (FMA), pertencentes ao filo Mucoromycota e subfilo Glomeromycotina (SPATAFORA et al., 2016), atualmente dividido em três classes, cinco ordens, 15 famílias, 38 gêneros (Tabela 1) e cerca de 296 espécies (GOTO; JOBIM, 2017).

Os FMA formam simbiose mutualística com representantes de mais de 95% das famílias de plantas vasculares (TRESEDER; CROSS, 2006). A associação é considerada uma regra na natureza e o seu não estabelecimento está restrito a algumas espécies de poucas famílias vegetais como Brassicaceae e alguns representantes das famílias Juncaceae, Proteaceae, Polygonaceae e Cyperaceae (SMITH; READ, 2008). Embora os FMA não apresentem especificidade, estudos têm demonstrado que ocorrem preferências por determinados hospedeiros e condições ambientais (GAI et al., 2006).

Tabela 1. Classificação atual dos FMA

Classes	Ordens	Famílias	Gêneros
Archaeosporomycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora</i>
		Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i>
			<i>Intraspora</i>
			<i>Palaeospora</i>
		Geosiphonaceae	<i>Geosiphon</i>
	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora</i>
			<i>Kuklospora</i>
		Diversisporaceae	<i>Corymbiglomus</i>
			<i>Diversispora</i>
			<i>Otospora</i>
			<i>Redeckera</i>
			<i>Tricispora</i>
		Pacisporaceae	<i>Pacispora</i>
		Sacculosporaceae	<i>Sacculospora</i>
Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Funneliformis</i>
			<i>Glomus</i>
			<i>Septoglomus</i>
			<i>Simiglomus</i>
			<i>Dominikia</i>
			<i>Kamienkia</i>
			<i>Rhizoglomus</i>
			<i>Sclerocystis</i>
			<i>Albahypha</i>
		Entrophosporaceae	<i>Claroideoglomus</i>
			<i>Entrophospora</i>
			<i>Viscospora</i>
		Dentiscutataceae	<i>Dentiscutata</i>
			<i>Fuscutata</i>
			<i>Quatunica</i>
	Gigasporales	Gigasporaceae	<i>Gigaspora</i>
		Intraornatosporaceae	<i>Intraornatospora</i>
			<i>Paradentiscutata</i>
		Racocetraceae	<i>Cetraspora</i>
			<i>Racocetra</i>
		Scutellosporaceae	<i>Bulbospora</i>
			<i>Orbispora</i>
			<i>Scutellospora</i>
Paraglomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus</i>

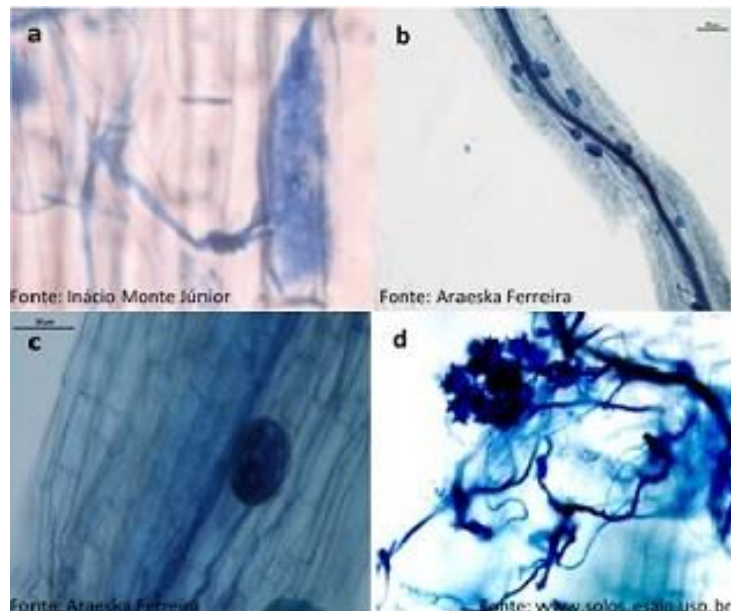
Fonte: Adaptado de Oehl et al. (2011) com atualizações (BLASZKOWSKI, 2012; BŁASZKOWSKI et al., 2014; GOTO et al., 2012; MARINHO et al., 2014; OEHL et al., 2015).

Os FMA apresentam crescimento muito limitado quando mantidos em meios sintéticos, pois são biotróficos obrigatórios e dependem da presença de plantas hospedeiras para completarem o ciclo de vida. A propagação desses fungos ocorre por meio de esporos, do micélio e de fragmentos de raízes colonizadas. O ciclo de vida dos FMA tem início com a

germinação dos glomerosporos e após a formação do tubo germinativo algumas hifas iniciam o estabelecimento da simbiose micorrízica arbuscular, que é resultante de uma complexa sequência de estímulos químicos que auxiliam no direcionamento das hifas para as raízes. Ao encontrarem as raízes, as hifas aderem à superfície (epiderme) formando um apressório que penetra as células da epiderme da raiz, constituindo a “unidade de infecção” – daí formam-se novas hifas que se espalham e ramificam-se no córtex radicular constituindo o micélio que formará intracelularmente os arbúsculos, estruturas efêmeras responsáveis pela troca de nutrientes com o hospedeiro.

Além dos arbúsculos, alguns gêneros de FMA podem apresentar vesículas, tanto em cavidades celulares quanto em espaços intercelulares (SMITH; READ, 2008), ou células auxiliares, formadas no exterior das raízes (Figura 1; DE SOUZA; DECLERCK, 2003). Durante o processo de colonização forma-se uma profusa rede de micélio extrarradicular que se estende além da região rizosférica e explora maior volume de solo, aumentando a superfície de absorção de nutrientes e água (SMITH; READ, 2008).

Figura 1. Estruturas dos FMA. a: arbúsculo; b: vesícula; c: esporo; d: células auxiliares



Os FMA proporcionam diversos benefícios para os vegetais, principalmente o aumento na absorção de água e nutrientes minerais de baixa mobilidade do solo, particularmente o fósforo e micronutrientes (BONFANTE; GENRE, 2010; WURST; GEBHARDT; RILLIG, 2011). Além disso, promovem aumento da resistência vegetal a patógenos radiculares (SIKES; COTTENIE; KLIRONOMOS, 2009), maior tolerância à seca

e ao excesso de salinidade do solo e influenciam positivamente a nodulação e a fixação biológica de nitrogênio (ESTRADA et al., 2013; MAIA et al., 2010).

Devido à produção de uma glicoproteína com propriedade cimentante, denominada glomalina, e da ação das hifas fúngicas no processo de agregação das partículas de solo, esse grupo de fungos contribui para a manutenção, formação e qualidade do solo (CARAVACA et al., 2005). Além disso, a glomalina auxilia na proteção das hifas fúngicas contra dessecação e na agregação das partículas minerais e orgânicas presentes no solo (BARTO et al., 2010; PENG; GUO; LIU, 2013). Essa biomolécula apresenta alta estabilidade no solo, com vida média de 6 a 42 anos e baixa velocidade de degradação, dependendo do solo de origem (RILLIG et al., 2001).

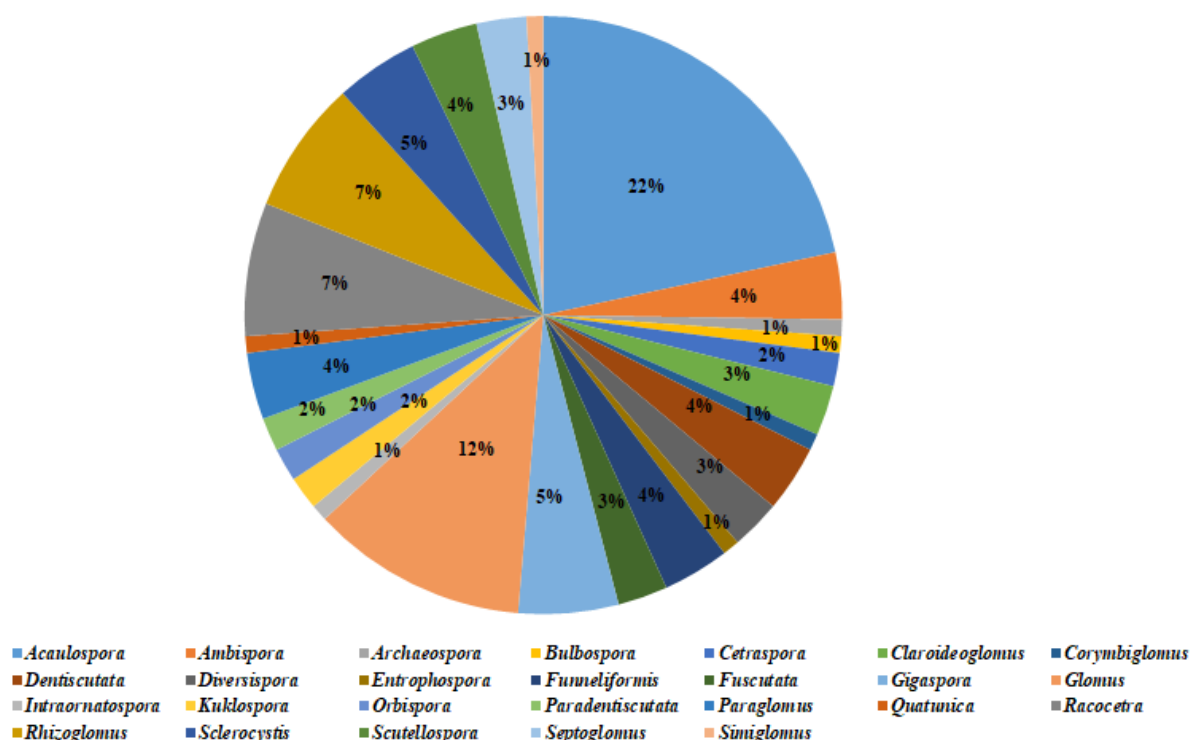
2.5 DIVERSIDADE DE FMA NO SEMIÁRIDO

A associação micorrízica arbuscular é essencial em regiões semiáridas (FERREIRA, 2010; GATTAI, 2006; MAIA et al., 2010; MARINHO et al., 2014; MELLO et al., 2012; MERGULHÃO et al., 2008; PANWAR; TARAFDAR, 2006; REQUENA; JEFFRIES; BAREA, 1996), favorecendo a retenção de umidade, a estabilidade e a agregação das partículas do solo e reduzindo os riscos de erosão, além de proporcionar ao hospedeiro, resistência à seca e à salinidade (SAGRERO, 2002).

Estudos sobre a diversidade de FMA no mundo registram 296 espécies, das quais 153 são registradas no Brasil (GOTO; JOBIM, 2017). Em 2013, eram mencionadas 90 espécies de FMA para a região semiárida (Berbara et al., 2013) e 248 para o mundo; assim, os registros do semiárido representavam 36,2% da diversidade global desses fungos.

Trabalhos realizados nos últimos anos no semiárido brasileiro confirmam a elevada diversidade de espécies de FMA e os dados atuais (Apêndice A) aumentam para 111 o número de espécies conhecidas para a região, representando 73 % das espécies registradas no Brasil. A maioria dos gêneros de FMA atualmente reconhecidos já foi mencionada em áreas de semiárido do país (Figura 2).

Figura 2. Gêneros de FMA registrados no semiárido brasileiro



Fonte: A Autora, 2017.

A distribuição dos FMA pode ter relação com as diferentes estratégias de sobrevivência desses fungos, que se adaptam a condições bióticas e abióticas específicas de um determinado ambiente (SOUZA et al., 2003). Em áreas de regiões semiáridas é comum a predominância dos gêneros *Acaulospora* e *Glomus* (Figura 2), sendo esses os gêneros com maior número de espécies descritas. Algumas espécies desses gêneros produzem esporos pequenos (DANDAN; ZHIWEI, 2007) e apresentam maior capacidade de adaptação a solos submetidos a diferentes condições ambientais e tipos de manejo (MELLO, 2011), demonstrando elevada tolerância a diversos fatores ambientais (OEHL et al., 2010).

Espécies de *Acaulospora* e *Glomus* tendem a ser encontradas em solos ácidos com pH menor que 6,5 e/ou com baixo teor de fósforo (GAI et al., 2006; OEHL et al., 2004; SOUZA et al., 2003).

A cada ano, o número de novas espécies de FMA descritas no semiárido brasileiro aumenta (FURRAZOLA et al., 2013; GOTO et al., 2009, 2010a, 2011, 2013; MARINHO et al., 2014; MELLO et al., 2013; PONTES et al., 2013) e possivelmente muitas outras ainda poderão ser encontradas.

A utilização de estudos moleculares, adicionados aos morfológicos, pode ampliar consideravelmente o conhecimento sobre a ecologia e a diversidade de FMA na região semiárida e no país.

2.6 FERRAMENTAS UTILIZADAS NA IDENTIFICAÇÃO DOS FMA

A taxonomia dos Glomeromycotina era baseada quase que exclusivamente na morfologia e ontogenia dos glomerosporos (MORTON; BENNY, 1990), estrutura que apresenta características (tamanho, cor, forma, estruturas subcelulares, ornamentações e reações histoquímicas da parede) importantes para distinção das espécies (BENTIVENGA; MORTON, 1994). Entretanto, esta caracterização fenotípica pode ser influenciada por atributos fisiológicos dos FMA e pelas condições ambientais (TIAN et al., 2009), dificultando a identificação precisa das espécies já que os glomerosporos coletados no campo geralmente encontram-se degradados ou estão em fases de desenvolvimento inadequadas para a identificação (MORTON, 1993).

Na tentativa de aumentar as possibilidades de identificação e ampliar estudos taxonômicos e ecológicos sobre os FMA, métodos alternativos vêm sendo utilizados, com destaque para técnicas de biologia molecular baseadas na extração, amplificação e caracterização de DNA (BONFANTE; GENRE, 2010; HIGO et al., 2013; LEE; LEE; YOUNG, 2008; REDECKER; HIJRI; WIEMKEN, 2003; STUKENBROCK; ROSENDAHL, 2005). O uso dessas técnicas tem permitido a identificação dos FMA a partir de esporos coletados diretamente do campo e em raízes colonizadas, auxiliando na distinção de diferentes isolados de uma mesma espécie e no estudo das relações entre espécies, populações e comunidades (BORRIELLO et al., 2012; KHAKPOUR; KHARA, 2012; KIVLIN; HAWKES; TRESEDER, 2011; OEHL et al., 2011; ÖPIK; PEAY, 2016; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017; VAN GEEL, 2016).

A maioria dos estudos moleculares conduzidos com FMA tem utilizado a região que compreende os genes ribossomais, devido ao seu alto poder de resolução, capacidade de alinhamento por meio de amplos grupos taxonômicos (VAN GEEL, 2016) e por conterem regiões extremamente conservadas que permitem a construção de diversos iniciadores (APPOLONI et al., 2008). Tipicamente, os genes do rDNA de eucariotos são encontrados como unidades repetitivas em sequências (100 a 200 cópias), separadas por espaços não transcritos-NTS (Non Transcribed Spacers). As unidades transcritas são compostas por genes

do rRNA 18S, 5.8S e 28S, bem como de várias regiões espaçadoras internas - ITS (Internal Transcribed Spacers), as quais apresentam taxas de evolução mais rápidas que a subunidade menor do DNA ribossomal (SSU rDNA) e maior do DNA ribossomal (LSU rDNA) e podem ser utilizadas na caracterização de diferentes espécies (LANFRANCO et al., 2001; WHITE et al., 1990).

Técnicas moleculares foram utilizadas por Colozzi-Filho; Cardoso (2000) para estudar a dinâmica populacional dos FMA na rizosfera e nas raízes de cafeeiro colonizadas. Segundo os autores, os perfis de amplicons de ITS obtidos das raízes colonizadas e dos esporos coletados na rizosfera demonstraram que a presença do esporo na rizosfera não é um indicativo seguro da colonização radicular.

Kowalchuk; De Souza; Van veen (2002) estudaram pela técnica de DGGE as comunidades de FMA associadas a gramíneas em dunas de areia, na Holanda, identificando espécies de *Glomus* e *Scutellospora* no solo e nas raízes colonizadas. Os autores também observaram que a diversidade de esporos na rizosfera pode não representar a comunidade que coloniza as raízes.

A abordagem molecular foi empregada por Hempel; Renker; Buscot (2007) para investigar a composição de espécies de FMA representada por esporos no solo, em raízes colonizadas e no micélio extrarradicular, em área cultivada na Alemanha, observando diferenças relevantes na estrutura das comunidades estudadas.

Recentemente, com o avanço das ferramentas moleculares, estudos sobre a ecologia de FMA vem sendo realizados por sequenciamento de nova geração (*Next Generation Sequencing* – NGS) (BOYER, 2014; DAVISON et al., 2012; KOHOUT et al., 2014; LUMINI et al., 2010; ÖPIK et al., 2009, 2010; VAN GEEL, 2016; XIANG et al., 2016; XU et al., 2017). Esta tecnologia possui alto rendimento e eficiência produzindo milhões de sequências genômicas a custos reduzidos por base sequenciada. Essa eficiência é devido à clonagem *in vitro* e aos sistemas de suporte sólido usados nas plataformas de sequenciamento, permitindo milhares de leituras de uma única vez (CARVALHO; SILVA, 2010; SALVIOLI; BONFANTE, 2013).

O sequenciamento de nova geração tem permitido melhor compreensão da dinâmica dos FMA sendo utilizado em diversos estudos para quantificar a presença de espécies e a estrutura da comunidade de FMA em amostras de solos e raízes colonizadas (BOYER, 2014; CUI et al., 2016; DAVISON et al., 2012; HART et al., 2015; ÖPIK et al., 2013).

Para facilitar as análises de diversidade molecular dos FMA e permitir comparações entre os estudos ecológicos realizados, Öpik et al. (2009), desenvolveu um sistema universal

de nomenclatura que denomina de virtual taxa (VT) um grupo de sequências filogeneticamente definidas do gene SSU rDNA que tenham similaridade igual ou superior 97% de identidade. No entanto, ainda há dificuldade em comparar resultados entre os estudos realizados, devido à pouca consistência nos conjuntos de primers e genes alvo utilizados (VAN GEEL, 2016), sendo a subunidade menor do DNA ribossomal (SSU rDNA) a região mais estudada (ÖPIK et al., 2014; ÖPIK; PEAY, 2016). Além disso, cada combinação da região alvo e par de primers podem influenciar nos resultados relacionados à comunidade fúngica amostrada (KOHOUT et al., 2014; VAN GEEL, 2016).

A partir do seqüenciamento de alto rendimento (Illumina) de um fragmento do gene SSU rDNA, Xu et al. (2017) avaliaram a composição das comunidades de FMA em amostras de solo e em raízes de *Chenopodium ambrosioides* em diferentes áreas e habitats na China. De acordo com os autores, as amostras de raízes apresentavam menor riqueza de sequências quando comparada às de solo e a maioria das sequências encontradas nas raízes também estava nas amostras de solo.

A estrutura e a composição de espécies de FMA em raízes de *Thuja occidentalis* em três habitats (áreas com rejeitos de mineração; turfeiras e montanhosas) foi investigada por Anwar (2016) utilizando a plataforma de seqüenciamento Illumina. A riqueza da comunidade fúngica foi afetada pelo tipo de habitat e representantes da família Glomeraceae predominaram em todos os habitats estudados. O pH do solo e a comunidade vegetal foram os principais fatores que influenciaram a estrutura e a composição das comunidades de FMA.

O efeito da adubação sobre as comunidades de FMA em uma área de pastagem na China foi investigada por Xiang et al. (2016) usando seqüenciamento Illumina, sendo detectadas mudanças na composição da comunidade fúngica em função da adubação com nitrogênio e fósforo, que aumentou a riqueza e diversidade de espécies de FMA.

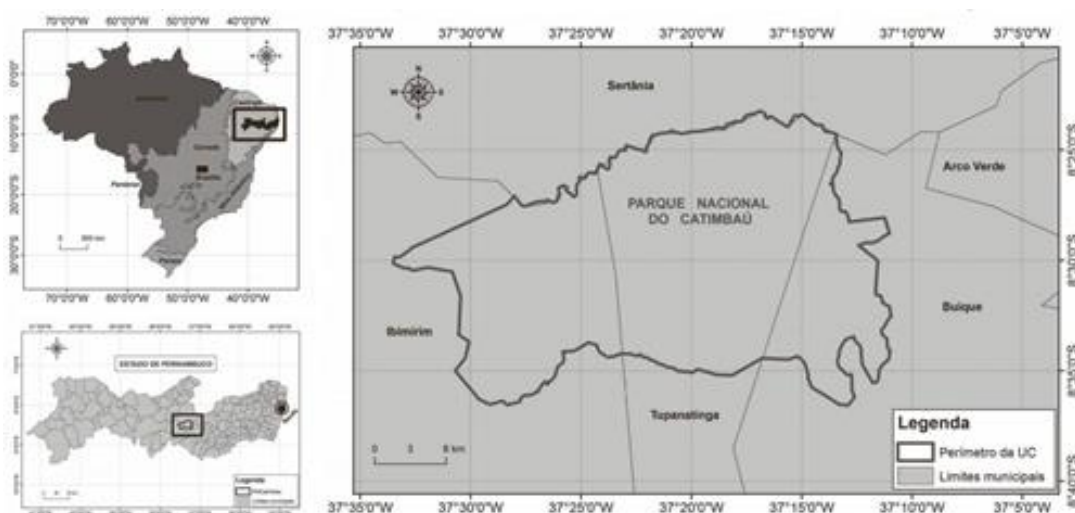
As técnicas moleculares são ferramentas poderosas e são de grande utilidade na taxonomia e caracterização dos FMA, já que a avaliação das comunidades de Glomeromycota baseadas somente em características morfológicas dos esporos pode não refletir com exatidão a comunidade de FMA que está interagindo com as plantas. A utilização de marcadores moleculares complementa os estudos realizados com base em características morfológicas e pode contribuir de forma efetiva para identificação mais precisa dos organismos e melhor análise da diversidade dos FMA.

3 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

3.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE ESTUDO

O estudo foi desenvolvido em áreas de Caatinga no Parque Nacional do Catimbau – PARNA do Catimbau (entre 8° 24' 00" e 8° 36' 35" S e 37° 09' 30" e 37° 14' 40" W) localizado no estado de Pernambuco, nos municípios de Buíque, Tupanatinga e Ibimirim (Figura 3).

Figura 3. Localização do Parque Nacional do Catimbau

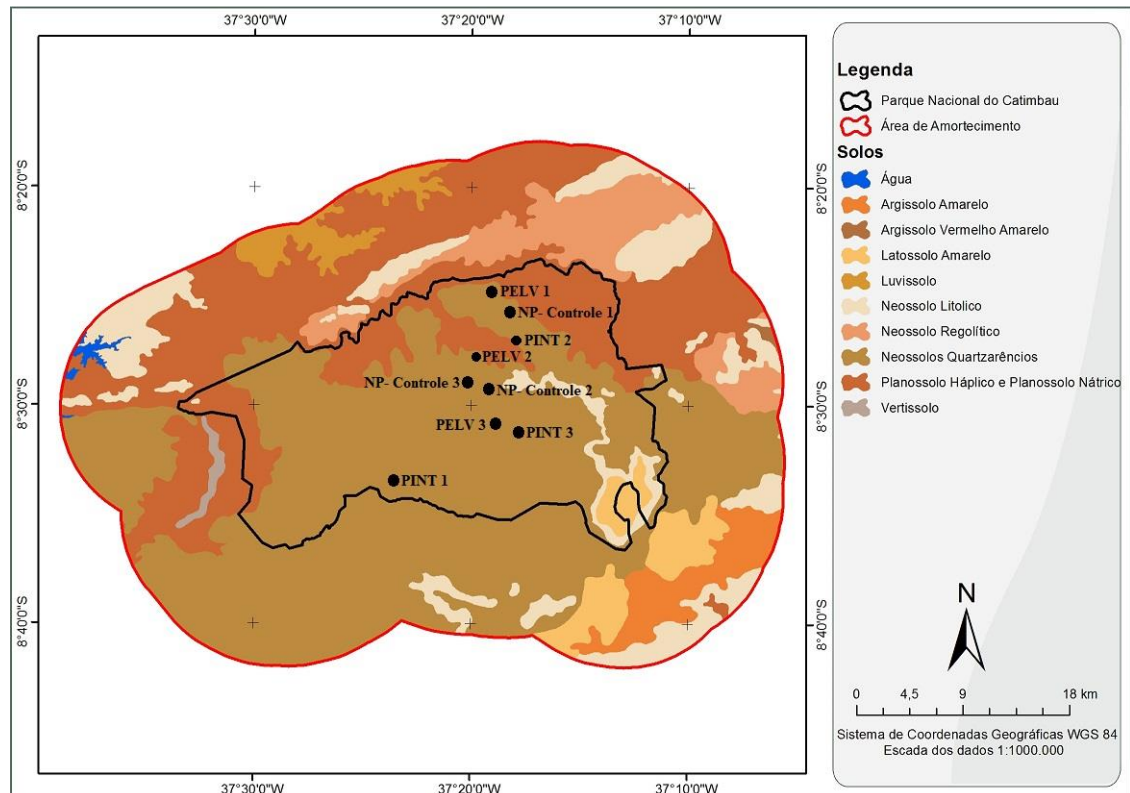


Fonte: Vasconcelos; Melo (2016)

O clima da região onde está localizado o PARNA é semiárido do tipo Bsh, segundo Koppen, com temperatura média de 26 °C, chuvas de regime interanual irregulares, com pluviosidade variando de 510 a 1100 mm. A classe de solo predominante é do tipo Neossolo Quartzarênico, pobre em nutriente e baixa capacidade de retenção de água (SILVA-JUNIOR, 2013) (Figura 4).

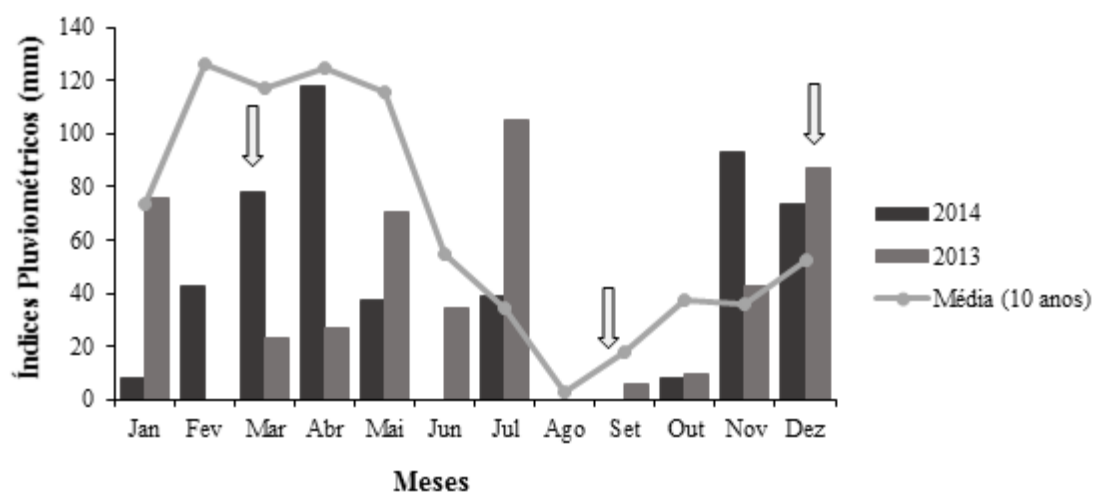
A precipitação pluviométrica média considerando os três meses anteriores ao período de coleta para a realização desse estudo foi de 58,0 mm em dezembro/2013 (período transição seco/chuvoso), 137,6 mm em março/2014 (período chuvoso) e de 38,7 mm em setembro/2014 (período seco) (AGRITEMPO, 2016) (Figura 5).

Figura 4. Mapa de tipos de solo do Parque Nacional do Catimbau –PE



Fonte: Fornecido por pesquisadores do Laboratório de Ecologia Vegetal e Aplicada/UFPE como parte dos estudos de ecologia vegetal do Projeto Ecológico de Longa Duração (PELD).

Figura 5. Precipitação pluviométrica média (mm) dos últimos 10 anos e nos anos de coleta (2013 e 2014), registrada no município de Tupanatinga, PE



Fonte: A Autora, 2017

3.2 LOCAIS DE ESTUDO

Os locais de estudo foram escolhidos em função dos níveis de perturbação antropogênica, sendo descritos como: áreas de perturbação intermediária (PINT) - apresentando corte e queima moderados da vegetação, além de trilhas feitas por animais; áreas de perturbação elevada (PELV) - com intensos corte e queima da cobertura vegetal, criação de caprinos próxima aos locais amostrados, além de várias trilhas de animais e áreas não perturbadas (NP-Controle). As áreas NP-Controle foram consideradas como aquelas cuja vegetação não foi exposta à agricultura de corte e/ou queima nos últimos 50 anos (LEAL; ANDERSEN; LEAL, 2014; RIBEIRO-NETO et al., 2016; RIBEIRO et al., 2015).

Os diferentes níveis de perturbação foram definidos segundo o grau de distúrbios antropogênicos crônicos (DAC), com base em imagens de satélite *RapidEye*, de mapas de solo, precipitação e exploração do solo. Perspectivas de escala de paisagem foram adotadas para obter um gradiente de intensidade de DAC (RITO et al., 2016). Para caracterizar os DAC foram utilizados três indicadores de distúrbios antrópicos, descritos como importantes condutores da perturbação em florestas tropicais: (1) distância para as fazendas mais próximas; (2) distância até as estradas mais próximas; (3) total de caprinos e comprimento de trilhas de animais dentro de cada área (comprimento de trilhas por área) (LEAL; ANDERSEN; LEAL, 2014; MARTORELL; PETERS, 2005; RIBEIRO-NETO et al., 2016; RIBEIRO et al., 2015; RITO et al., 2016; SAGAR; RAGHUBANSHI; SINGH, 2003). Os dois primeiros indicadores estão relacionados ao acesso das populações aos recursos naturais, e o último à pressão que as atividades antrópicas impõem nos ecossistemas da Caatinga (RIBEIRO-NETO et al., 2016; RITO et al., 2016).

A vegetação predominante é do tipo Caatinga *stricto sensu*, apresentando grande diversidade de espécies de plantas que vão desde o tipo herbáceo ao arbóreo, dependendo, principalmente, do nível de perturbação da área. O levantamento florístico nas áreas de coleta foi realizado por pesquisadores do Laboratório de Ecologia Vegetal e Aplicada/UFPE como parte dos estudos de ecologia vegetal do Projeto Ecológico de Longa Duração (PELD) - Catimbau. Na vegetação das áreas NP-Controle foram registradas 51 espécies; nas áreas PINT 41 espécies e nas áreas PELV 50 espécies vegetais. Dezenove espécies são comuns às três áreas (Apêndice B).

3.3 COLETA DE AMOSTRAS

Amostras de solo foram coletadas em dezembro/2013 (transição seco/chuvoso), março/2014 (período chuvoso) e setembro/2014 (período seco). Para cada nível de perturbação foram estabelecidas três parcelas (20 x 50 m) com distância mínima de 2 km entre cada local. Para controlar os potenciais efeitos das características do solo e do declive do terreno, todas as parcelas foram estabelecidas em locais com o mesmo tipo de solo (arenoso) (RITO et al., 2016). Em cada parcela, foram coletadas três amostras (formadas por cinco subamostras) na zona de influência das raízes de três plantas nativas: *Croton blanchetianus* Baill., *Poincianella microphylla* (Mart. ex G.Don) L.P.Queiroz e *Commiphora leptophloeos* (Mart.) J.B. Gillet, presentes em todas as áreas. Os solos foram coletados na profundidade de 0-20 cm; todas as áreas foram demarcadas geograficamente e pertencem ao município de Tupanatinga (Tabela2).

Tabela 2. Localização geográfica e altitude das áreas de coleta

Nível de perturbação	Localização Geográfica		Altitude (m)
	Latitude (S)	Longitude (W)	
NP-Controle	8° 25' 40"	37° 18' 16"	628
	8° 29' 07"	37° 19' 19"	735
	8° 28' 58"	37° 20' 34"	666
	8° 33' 19"	37° 23' 50"	569
PINT	8° 26' 58"	37° 17' 57"	661
	8° 31' 15"	37° 17' 46"	884
	8° 24' 47"	37° 19' 02"	584
PELV	8° 27' 56"	37° 19' 33"	660
	8° 31' 03"	37° 18' 42"	854

NP-Controle: áreas não perturbadas; PINT: áreas de perturbação intermediária; PELV: áreas de perturbação elevada. Fonte: A autora, 2017.

Para as análises moleculares, as três amostras de solo e raiz coletadas em cada parcela foram homogeneizadas para compor uma amostra composta, totalizando três unidades amostrais/área.

3.4 ANÁLISE DO SOLO

As análises químicas e físicas das amostras de solo foram realizadas na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina, da Universidade Federal Rural de Pernambuco. Antes das análises, as amostras foram secas ao ar, destorroadas e passadas em peneiras com abertura de malha de 2 mm. O pH do solo foi determinado em solução de solo: água (1:2,5

v/v). H^+ + Al^{3+} foram determinados após extração com acetato de cálcio e titulação alcalina. Ca^{2+} e Mg^{2+} foram extraídos com cloreto de potássio (KCl) 1 M e mensurados por espectrofotometria de absorção atômica. K, Na e P foram extraídos com solução de Mehlich 1 na proporção de 1:10 (solo:solução extratora), sendo K^+ e Na quantificados por fotometria de chama e P por colorimetria. Zn e Mn foram extraídos com Mehlich 1 na proporção 1:5 e determinados por espectrofotometria de absorção atômica. A matéria orgânica foi determinada por oxidação em dicromato de potássio e titulação com sulfato ferroso amoniacal. As propriedades químicas foram determinadas seguindo as metodologias propostas por Silva et al. (1998). As propriedades físicas (areia, silte e argila) foram determinadas pelo método da pipeta (EMBRAPA, 1997).

3.5 ECOLOGIA E DIVERSIDADE DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES

3.5.1 Identificação morfológica das espécies de FMA

Glomerosporos foram extraídos do solo (100g) pela técnica de peneiramento úmido (GERDEMANN; NICOLSON, 1963) e centrifugação em água e sacarose 50% (JENKINS, 1964 modificado), agrupados por tamanho e cor, montados em lâminas com PVLG (álcool polivinílico em lactoglicerol) e PVLG + Melzer e submetidos a estudo taxonômico com base em características morfológicas. Para identificação foram utilizados manuais (BŁASZKOWSKI, 2012; SCHENCK; PÉREZ, 1990), descrições morfológicas disponíveis online: INVAM (<http://www.invam.caf.wvu.edu>) e Glomeromycota (<http://www.zor.zut.edu.pl/Glomeromycota/>). Seguimos a classificação proposta por Oehl et al. (2011), incluindo novos táxons recentemente descritos (por exemplo: Marinho et al., 2014).

3.5.2 Culturas armadilha

Para multiplicar os FMA presentes no solo das áreas estudadas e facilitar os estudos taxonômicos foram montadas culturas armadilha (por amostra) em vasos, contendo 1Kg de amostras de solo do campo, utilizando milho (*Zea mays* L.) e feijão [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] como plantas hospedeiras. Os vasos foram mantidos por três ciclos de multiplicação (quatro meses cada) em casa de vegetação, sendo regados em dias alternados.

Quinzenalmente, as culturas armadilha foram fertilizadas com solução de Hoagland modificada (HOAGLAND; ARNON, 1950; JARSTFER; SYLVIA, 1992)(HOAGLAND; ARNON, 1950)(HOAGLAND; ARNON, 1950). Para favorecer a esporulação, as plantas foram submetidas a estresse hídrico durante 15 dias ao final de cada ciclo e as amostras de solo (100g) coletadas para extração de esporos e estudos taxonômicos.

3.5.3 Análises ecológicas e estatísticas

Para análises da comunidade de FMA foram determinados: abundância de esporos (N), riqueza de espécies (S), índices de diversidade de Shannon-Wiener (H') e de equitabilidade de Pielou (J'). A riqueza de espécies foi determinada pelo número total de espécies identificadas em cada área de estudo e o número estimado de espécies foi calculado utilizando o índice de Jackknife de primeira ordem (Jackknife 1). O índice de Shannon-Wiener (H') foi calculado pela equação: $H' = - \sum (X_i/X_o) \times \log (X_i/X_o)$; onde X_i é o número de indivíduo de cada espécie; X_o o número de total de indivíduo de todas as espécies (SHANNON; WEAVER, 1949). O índice de equitabilidade de Pielou (J') foi calculado pela equação: $J' = H'/\log(S)$ em que H' é o valor obtido pelo índice de Shannon e S é o número total de espécies (PIELOU, 1975).

A frequência de ocorrência das espécies (Fi) foi calculada de acordo com a equação $F_i = J_i/K$, em que F_i é a frequência de ocorrência da espécie i; J_i é o número de amostras nas quais a espécie i ocorreu e K é o número total de amostras de solo (BROWER; ZAR, 1984). As espécies foram consideradas segundo a frequência de ocorrência (FO) como: dominantes (>50%), muito comuns (31-50%), comuns (10-30%) e raras (<10%) (ZHANG; GUO; LIU, 2004).

As análises da composição das comunidades de FMA foram realizadas com os dados de presença e ausência das espécies de FMA nas áreas estudadas. A análise de variância de permutação multivariada (PERMANOVA), baseado na distância de Bray-Curtis, foi realizada para determinar se os diferentes níveis de perturbação e os períodos de amostragem abrigavam diferentes comunidades de FMA.

Os dados da composição das comunidades de FMA foram ordenados usando “*nonmetric multidimensional scaling*” (NMS) (KRUSKAL, 1964) para testar o efeito dos diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica e períodos de amostragem sobre a composição da comunidade de FMA. Também foi realizada a análise de BIO-ENV para investigar as relações significativas entre a composição da comunidade de FMA e as propriedades químicas e físicas do solo dos diferentes níveis de perturbação e períodos

estudados e selecionar quais as variáveis do solo que apresentavam melhor correlação com as comunidades de FMA (CLARKE; AINSWORTH, 1993). Antes da análise, os dados foram normalizados.

O teste de Mantel (DOUGLAS; ENDLER, 1982) foi realizado para verificar a existência de correlação entre a comunidade de FMA e de plantas.

Para análise de espécies indicadoras, utilizou-se o teste de Monte Carlo (DUFRENE; LEGENDRE, 1997); considerando como valor de indicação ≥ 25 e nível de significância $< 5\%$. Essa análise foi realizada para detectar possíveis relações entre espécies de FMA com os níveis de perturbação e período de amostragem.

Foram verificadas a normalidade dos dados (propriedades químicas e físicas do solo, a riqueza de espécies de FMA, a abundância de esporos, o índice de diversidade Shannon-Wiener e equitabilidade de Pielou e quando necessário foram realizadas as devidas transformações (Transformação Box Cox). Em seguida, foram realizadas análises de variância (ANOVA) e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$), utilizando o programa Assistat 7.7 beta (SILVA; AZEVEDO, 2016).

Os cálculos das curvas de acumulação de espécies e BIO-ENV foram realizados com auxílio do Primer 6.0 (CLARKE; GORLEY, 2006). A análise de espécies indicadoras, NMS, PERMANOVA e o teste de Mantel foram realizados usando o programa PC-ORD 6.0 (MCCUNE; MEFFORD., 2011).

3.6. ATIVIDADE MICORRÍZICA

3.6.1 Colonização micorrízica

As raízes coletadas foram separadas, lavadas, diafanizadas e coradas com azul de tripan (0,05%) (PHILLIPS; HAYMAN, 1974). Em raízes muito pigmentadas foi necessário adicionar peróxido de hidrogênio (10%) para a descoloração. As raízes coradas foram conservadas em glicerol a 50%. Para estimativa da colonização micorrízica, 100 fragmentos de raízes de cada amostra foram montados em lâmina e observados com auxílio do microscópio, sendo registrada a presença ou ausência de estruturas típicas de FMA conforme descrito por Giovanette; Mosse 1980).

3.6.2 Número de propágulos infectivos de FMA

Para estimativa do número mais provável de propágulos (NMP) infectivos de FMA, amostras de solo das áreas estudadas foram diluídas nas proporções de 1:10; 1:100; 1:1000 (FELDMANN; IDCZAK, 1992) com areia desinfestada e seca na estufa (Solo + areia =100 ml). Foram montadas cinco repetições para cada diluição. Os potes receberam sementes de milho (*Zea mays* L.) e foram mantidos em casa de vegetação sendo irrigados diariamente. Após 30 dias, as plantas foram colhidas e as raízes clarificadas e coradas para avaliação da colonização micorrízica e o número de propágulos por cm³ solo foi estimado utilizando a tabela de Cochran (1950).

3.6.3 Quantificação de proteínas do solo relacionadas à Glomalina (PSRG)

Duas frações de proteínas do solo relacionadas à glomalina foram determinadas segundo o método de Wright; Upadhyaya (1998). A fração facilmente extraível (PSRG-FE) foi obtida a partir de 0,25 g de solo com 2mL de citrato de sódio (20 mM; pH 7,0), após um ciclo em autoclave (121° C/ 30 min.). Para extração da fração total (PSRG-T) foram adicionados 2 mL de citrato de sódio (50 mM; pH 7,0) seguindo-se a extração em autoclave (121°C/1h). Ambas as frações foram quantificadas pelo método de Bradford (1976), em espectrofotômetro (595 nm). Os dados foram expressos em mg glomalina g⁻¹ solo.

3.6.4 Análises estatísticas

Os dados micorrízicos foram comparados entre as áreas no mesmo período de amostragem e nos diferentes períodos.

Foi verificada a normalidade dos dados de número de glomerosporos, quantidade de propágulos infectivos de FMA, percentagem de colonização micorrízica, teor de proteínas do solo relacionadas à glomalina (frações facilmente extraível e total) e quando necessário foram realizadas as devidas transformações (Transformação Box Cox). Em seguida, foram realizadas análises de variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$), utilizando o programa Assistat 7.7 beta (SILVA; AZEVEDO, 2016).

Para determinar se os diferentes níveis de perturbação e os períodos de amostragem influenciavam a atividade de FMA foi realizada análise de variância de permutação

multivariada (PERMANOVA), baseado na distância de Bray-Curtis. Além disso, os dados foram ordenados usando “*nonmetric multidimensional scaling*” (NMS) (KRUSKAL, 1964). Antes da ordenação, os dados de atividade de FMA foram relativizados na coluna para padronizar a escala das diferentes variáveis.

O teste de Mantel (DOUGLAS; ENDLER, 1982) foi utilizado para verificar se houve correlação entre a atividade de FMA e as propriedades químicas e físicas do solo.

A análise de NMS, PERMANOVA e o teste de Mantel foram realizados usando o programa PC-ORD 6.0 (MCCUNE; MEFFORD., 2011).

3.7 ANÁLISES MOLECULARES

3.7.1 Extração de DNA de amostras de solo e raízes

O DNA das amostras de solo (450mg) e raízes (80mg) foi extraído utilizando o kit de extração de DNA PowerSoil (Mo Bio Laboratories Inc., Carlsbad, CA, USA) com as seguintes modificações: 1) Para aumentar o rendimento do DNA, depois da adição da solução C1 (detergente para lisar as células), os tubos com as amostras de raízes foram colocados em banho maria a 60 °C durante 10 min; 2) Tanto para as amostras de solo e raiz, a eluição final foi realizada com 75 µl da solução C6 (Tampão 10 mM Tris).

O DNA de todas as amostras foi enviado ao Centro de Genômica Funcional ESALQ/USP para o preparo da biblioteca de amplicons (fragmento da região 18S rDNA), sequenciamento na plataforma Illumina MiSeq 2500 (Illumina, Inc., San Diego, CA.).

3.7.2 Preparo da biblioteca de amplicons e sequenciamento de DNA

A partir do DNA metagenômico de solo e raiz, a amplificação do fragmento da região 18S rDNA foi realizada em duas reações de PCR. A primeira reação da amplificação foi realizada com os iniciadores NS31 e AML2 (~560pb, LEE; LEE; YOUNG, 2008; SIMON; LALONDE; BRUNS, 1992) em microtubos estéreis contendo 5µl do DNA alvo, 0,5µl de cada iniciador (10 µM), 1µl de dNTPs (10mM), 1µl de cloreto de magnésio (MgCl₂ - 50mM), 0,3µl da enzima Taq Platinum (5U/µl), 2,5 µl tampão de reação (10X) e 14,2 µl de água ultrapura, totalizando o volume de 25 µl. O programa térmico utilizado incluiu a desnaturação inicial a 95°C por 1 min e 30 s, 35 ciclos de desnaturação a 95°C por 45 s, anelamento a 60°C

por 1 min, extensão a 72°C por 45 s, seguidos de um período final de extensão de 5 min a 72°C. O produto da reação acima, foi purificado com Beads Ampure XP e usado como molde para a segunda reação. Na segunda reação, os amplicons foram ligados a um par de index (N7 e S5) específico para cada amostra. Em microtubo estéril foi usado 5 µl do produto de PCR anterior como DNA alvo, 5 µl de cada Index (NEXTERA XT), 25 µl de KAPA HiFiHotStart Ready Mix (2X) e 10 µl de água ultrapura, totalizando o volume de 50 µl. O programa térmico da segunda PCR foi de desnaturação inicial a 95°C por 3 min, 12 ciclos de desnaturação a 95°C por 30 s, anelamento a 55°C por 30s, extensão a 72°C por 30s, seguidos de um período final de extensão de 5 min a 72°C. Os amplicons da segunda reação foram purificados com Beads Ampure XP e normalizados para uma mesma concentração. Em seguida, foi feito o pool das bibliotecas e as amostras foram quantificadas por PCR quantitativa (qPCR) com o Kit KAPA Library Quantification For Illumina Sequencing Platforms. Posteriormente, foram sequenciadas na plataforma MiSeq da Illumina utilizando o kit V3 (2 × 300 pb paired-end).

3.7.3 Análise de bioinformática das sequências

Após uma análise inicial, as sequências de má qualidade foram retiradas, só sendo consideradas as que apresentavam o primer correto (NS31 ou AML2) e escore de qualidade ≥ 30 . Posteriormente, as sequências foram combinadas considerando no mínimo 75% de sobreposição utilizando o programa Fast Length Adjustment of SHort reads - FLASH (MAGOČ; SALZBERG, 2011). Em seguida, usando o banco de dados de Glomeromycota MaarjAM (ÖPIK et al., 2010) como referência e seguindo as recomendações de Davison et al. (2012), foram removidas as sequências menores que 450 pb e potenciais quimeras usando o UCHIME (EDGAR et al., 2011). Após esses procedimentos foram mantidas 29.630 sequências (46%) para identificação taxonômica.

3.7.4 Identificação taxonômica das sequências

Para identificação taxonômica, foi realizado um BLAST para comparar as sequências obtidas com sequências homólogas do banco de dados de Glomeromycota MaarjAM (ÖPIK et al., 2010, 2014), seguindo os seguintes critérios: similaridade de sequências $\geq 97\%$, comprimento do alinhamento $\geq 95\%$ do comprimento da sequência obtida em relação à

sequência de referência e com valores de E menores do que 10^{-50} (1e-50). As sequências que não foram relacionadas às do banco de dados MaarjAM (68.954) foram clusterizadas com 97% de identidade utilizando o USEARCH clustering. A partir da realização de um novo BLAST contra o bancos de dados “National Center for Biotechnology Information – NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>)”, as novas sequências foram identificadas com base nos seguintes critérios: similaridade $\geq 90\%$, comprimento do alinhamento $\geq 90\%$ da sequência obtida em relação à sequência do banco de dados de referência e com valores de E menores do que 10^{-50} (1e-50), como recomendado em outros estudos com FMA (DAVISON et al., 2012; ÖPIK et al., 2009; RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017).

3.7.5 Análises – Riqueza Molecular de FMA

As análises da composição das comunidades de FMA foram realizadas com os dados de abundância dos virtuais taxons (VTs) relacionados aos gêneros/espécies de FMA nas áreas estudadas. Utilizou-se o Diagrama de Venn para comparar o número de VTs presentes nas amostras de solo e de raiz. O gráfico de coluna empilhada foi utilizado para comparar a riqueza de VTs por gêneros e a porcentagem de sequências obtidas de solo e raízes. As análises foram realizadas no Excel.

4 RESULTADOS

4.1 PROPRIEDADES QUÍMICAS E FÍSICAS DO SOLO

Os dados das propriedades químicas e físicas do solo, avaliados a partir da ANOVA, não mostraram diferenças significativas entre as áreas e períodos para as variáveis pH, P, Mg, m, Na e H. Os solos das áreas avaliadas apresentaram pH ácido. Os valores de saturação por base (V), Ca e CTC no solo diferiram entre NP-Controle e PINT e o maior valor de V foi registrado na área PELV. Os maiores valores de K e SB também foram registrados nas áreas PINT e PELV. Entre os micronutrientes do solo apenas o Mn diferiu entre as áreas avaliadas sendo maior nas áreas PINT e PELV e menor na área NP-Controle (Tabela 3).

Ao comparar os períodos, os maiores valores de K, Al, Zn e MO foram observados no período seco. O Mn diferiu entre os períodos apresentando menor valor na estação seca (Tabela 3).

Os solos das três áreas foram classificados como de textura arenosa e com pouca quantidade de argila. Os maiores conteúdos de areia foram registrados na área NP-Controle. O teor de areia na estação transição seco/chuvoso diferiu apenas do chuvoso. Não foram detectadas quantidades relevantes de silte (dados não mostrados). Com base nas análises de PERMANOVA, a composição do solo diferiu entre todos os níveis de perturbação crônicas ($F=4,45$; $p < 0,001$) e períodos amostrados ($F = 7,46$; $P < 0,001$).

Tabela 3. Propriedades químicas e físicas do solo em áreas de floresta seca no Parque Nacional do Catimbau – PE, sem e com níveis crescentes de perturbação antropogênica crônica: NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada

Propriedades químicas						
	Níveis de perturbação antropogênica crônica			Período de Amostragem		
	NP-Controle	PINT	PELV	Transição seco/chuvoso	Chuvoso	Seco
pH	5,20a	5,40a	5,12a	5,30a	5,30a	5,10a
P (mg/dm ³)	9,92a	12,50a	10,82a	10,32a	12,40a	10,60a
Ca²⁺ (cmolc/dm ³)	1,57b	2,05ab	2,26a	1,82a	1,93a	2,13a
K⁺ (cmolc/dm ³)	0,07b	0,13a	0,12a	0,09b	0,08b	0,16a
Mg²⁺ (cmolc/dm ³)	0,29a	0,32a	0,33a	0,31a	0,31a	0,32a
Na⁺ (cmolc/dm ³)	0,01a	0,03a	0,02a	0,02a	0,02a	0,03a
H⁺ (cmolc/dm ³)	2,41a	2,28a	2,67a	2,21a	2,41a	2,75a
Al³⁺ (cmolc/dm ³)	0,12a	0,11a	0,17a	0,10b	0,10b	0,20a
SB (cmolc/dm ³)	1,95b	2,53a	2,73a	2,23a	2,34a	2,63a
CTC (cmolc/dm ³)	4,47b	4,91ab	5,57a	4,54b	4,85ab	5,57a
Mn (mg/dm ³)	2,30b	3,76a	3,37a	3,61a	3,65a	2,18b
Zn (mg/dm ³)	1,6a	1,73a	1,82a	1,30b	1,20b	2,73a
MO (%)	1,86a	1,96a	2,31a	1,64b	1,91b	2,58a
V (%)	43,90b	52,49a	48,40ab	49,22a	47,99a	47,59a
m (%)	5,69a	4,86a	6,19a	4,99a	4,52a	5,23a
Propriedades físicas						
Areia (%)	94,6a	92,7b	92,9b	93,61a	93,30a	93,50a
Argila (%)	6,4b	6,8ab	7,0a	7,45a	6,54b	6,98ab

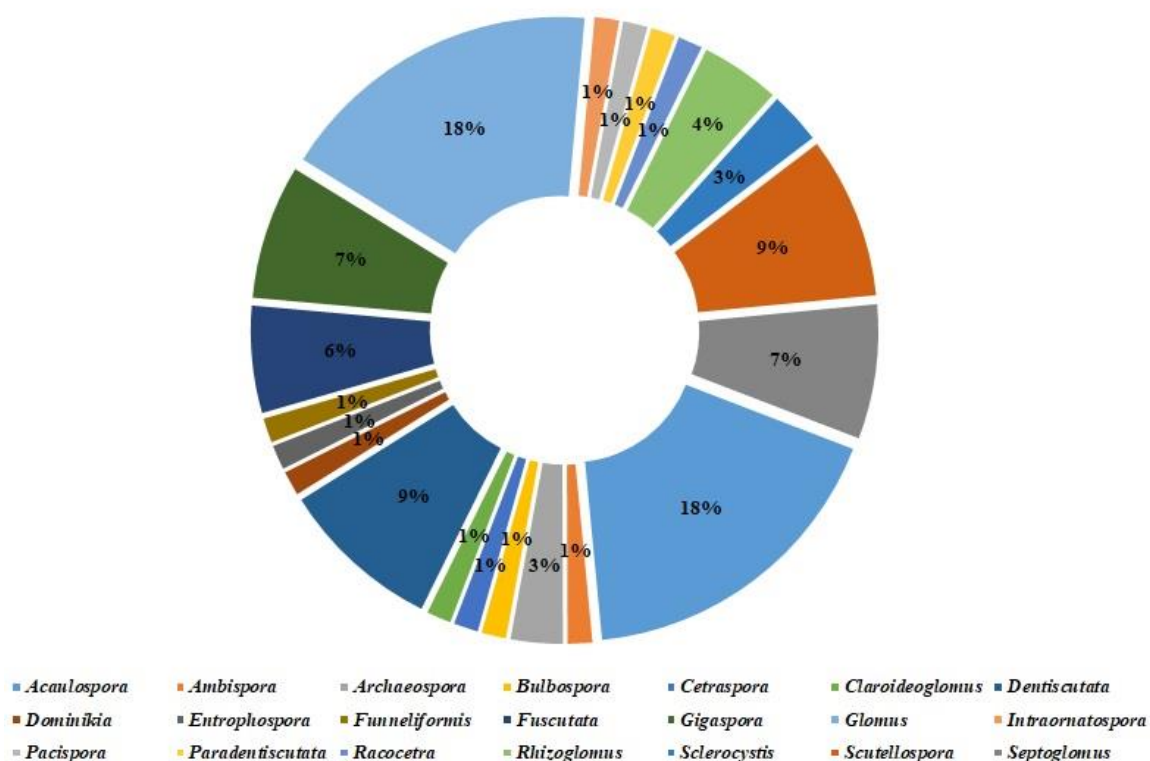
Médias seguidas pela mesma letra, na linha, não diferem pelo Teste de Tukey a 5% de probabilidade.

S.B.:Soma de Bases; CTC: Capacidade de Troca de Cátions; MO: Matéria Orgânica; V: Saturação por Bases; m: Saturação por Alumínio. Fonte: A autora, 2017.

4.2 ECOLOGIA E DIVERSIDADE DE FMA

Foram registrados 68 táxons de FMA distribuídas em 21 gêneros e 11 famílias. Dessas, oito táxons (*Archaeospora trappei*, *Archaeospora* sp.1, *Dentiscutata cerradensis*, *Dominikia* sp., *Glomus ambisporum*, *Glomus* sp.8, *Racocetra fulgida* e *Scutellospora calospora*) foram recuperados apenas em culturas armadilha e 40 não foram identificados ao nível de espécie por constituírem novas espécies (11) ou por não apresentarem características necessárias para identificação (Tabela 4). Os gêneros *Acaulospora* e *Glomus* foram os mais representativos com 19% do total de espécies registradas; os demais gêneros tiveram menos de 10% de representatividade em número de espécies (Figura 6).

Figura 6. Representatividade, em número de espécies, dos gêneros de FMA em área semiárida, no Parque Nacional do Catimbau – PE



Fonte: A autora, 2017.

A área NP-Controle apresentou sete espécies exclusivas (*Dentiscutata* sp.2, *Glomus ambisporum*, *Glomus* sp.6, *Glomus* sp.7, *Pacispora* sp.1, *Racocetra fulgida* e *Rhizoglossum* sp.2), enquanto as áreas PINT e PELV apresentaram 15 e 14 espécies exclusivas, respectivamente. As espécies *Acaulospora mellea*, *Acaulospora* sp.3, *Acaulospora* sp.4, *Ambispora appendicula*, *Cetranspora gilmorei*, *Glomus* sp.3 e *Scutellospora* sp.2 foram registradas em todas as áreas e períodos de amostragem (Tabela 4).

Para os diferentes períodos amostrados, *Ac. morrowiae*, *Ac. rehmi*, *Ac. spinosa*, *Dentiscutata* sp.2, *Dominikia* sp., *Entrophospora infrequens*, *Funneliformis geosporum*, *Fuscutata aurea*, *Gigaspora* sp.1, *Gigaspora* sp.2, *Glomus ambisporum*, *Pacispora* sp.1, *Racocetra fulgida*, *Scutellospora* sp.3, *Septoglomerus* sp.1, *Septoglomerus* sp.2 e *Septoglomerus* sp.4 foram encontradas apenas no período de transição seco/chuvoso, que foi o período de coleta com maior número de espécies exclusivas. *Acaulospora* sp.6, *Archaeospora trappei*, *Claroideoglomerus etunicatum*, *Dentiscutata cerradensis*, *Dentiscutata* sp.3, *Fuscutata rubra*, *Gigaspora decipiens*, *Glomus* sp.4, *Glomus* sp.5, *Glomus* sp.6, *Glomus* sp.7 e *Glomus* sp.8, *Rhizoglomerus* sp.1, *Scutellospora* sp.5 foram registradas apenas no período chuvoso. No período seco foram observadas nove espécies exclusivas (*Acaulospora herrerae*, *Acaulospora* sp.5, *Archaeospora* sp.1, *Dentiscutata* sp.5, *Fuscutata* sp.1, *Glomus brohultii*, *Rhizoglomerus* sp.2, *Sclerocystis coremioides* e *Septoglomerus* sp.5) (Tabela 4).

Em geral, 80% das espécies de FMA foram raras, 8,3% comuns, 5% muito comuns e 6,7% dominantes. Na área NP-Controle 53% das espécies apresentaram frequência de ocorrência rara, na PINT 69% foram raras e 72% também foram assim classificadas na PELV (Tabela 4).

Ao analisar as espécies de FMA em relação aos períodos de amostragem e níveis de perturbação, observou-se que *Acaulospora* sp.4 foi indicadora do período chuvoso, enquanto *Acaulospora* sp.5 e *Acaulospora* sp.6 foram consideradas indicadoras da estação seca. Nenhuma espécie foi indicadora dos níveis de perturbação da vegetação (Tabela 4).

Tabela 4. Abundância relativa (%), classificação com base na frequência de ocorrência e espécies de FMA indicadoras em áreas sem e com níveis crescentes de perturbação (NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada) nas coletas realizadas nos períodos de transição seco/chuvoso (I), chuvoso (II), e seco (III) no Parque Nacional do Catimbau – PE, no semiárido Brasileiro.

Espécies de FMA	Abundância relativa (%)									Classificação	Espécies de FMA Indicadoras					
	NP-Controle			PINT			PELV				Nível de perturbação			Período		
	I	II	III	I	II	III	I	II	III		Grupo	VI (%)	p	Grupo	VI (%)	p
<i>Acaulospora herrerae</i>	-	-	-	-	-	0,12	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	III	3,7	1,000
<i>Ac. mellea</i>	0,44	0,54	1,53	0,86	1,41	3,87	1,01	1,06	2,93	D	PELV	24,8	0,955	III	33,2	0,11
<i>Ac. morrowiae</i>	-	-	-	0,84	-	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Ac. rehmi</i>	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	R	PELV	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Ac. spinosa</i>	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Acaulospora</i> sp.1	-	-	0,10	0,30	0,62	0,54	0,27	0,22	0,52	MC	PINT	18,2	0,077	I	14	0,251
<i>Acaulospora</i> sp.2	0,05	-	-	0,67	-	-	-	-	0,05	R	PINT	4,9	0,762	I	11,1	0,102
<i>Acaulospora</i> sp.3	1,41	1,45	4,76	2,15	5,38	10,92	3,35	4,96	12,18	D	PELV	26,7	0,543	III	29,6	0,16
<i>Acaulospora</i> sp.4	0,59	0,84	1,68	0,20	0,22	0,57	0,30	1,16	0,94	D	PELV	22,7	0,274	III	33,4	0,001
<i>Acaulospora</i> sp.5	-	-	0,05	-	-	0,12	-	-	-	R	NP-Controle	13,2	1,000	III	82,7	0,0002
<i>Acaulospora</i> sp.6	-	-	-	-	-	-	-	0,12	-	R	PELV	11,3	0,946	II	70,5	0,0002
<i>Acaulospora</i> sp.7	0,10	0,15	0,20	-	-	0,05	0,20	0,07	0,07	C	NP-Controle	15,8	0,203	I	8,9	0,935
<i>Ambispora appendicula</i>	0,22	0,47	0,32	0,37	0,67	0,42	0,37	0,39	0,30	D	PINT	27,9	0,321	II	27,9	0,315
<i>Archaeospora</i> sp.1	-	-	-	-	-	-	-	-	*	-	-	-	-	-	-	-
<i>Archaeospora trappei</i>	-	*	-	-	-	-	-	*	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Bulbospora minima</i>	-	0,20	0,35	0,02	0,25	-	-	0,20	0,07	C	PINT	5,9	0,754	II	18,1	0,04
<i>Cetraspora gilmorei</i>	0,35	0,30	0,05	0,02	0,32	0,79	0,15	0,57	0,20	C	PELV	13,6	0,737	II	13,6	0,73
<i>Claroideoglossum etunicatum</i>	-	-	-	-	0,22	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	II	3,7	1,000
<i>Dentiscutata cerradensis</i>	-	-	-	-	-	-	-	*	-	R	-	-	-	-	-	-
<i>Dentiscutata</i> sp.1	0,05	0,02	-	-	-	-	0,02	0,02	-	R	NP-Controle	6,7	0,610	I	6,7	0,617
<i>Dentiscutata</i> sp.2	0,02	-	-	-	-	-	-	-	-	R	NP-Controle	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Dentiscutata</i> sp.3	-	-	-	-	-	-	-	0,07	-	R	PELV	7,4	0,331	II	7,4	0,322
<i>Dentiscutata</i> sp.4	-	-	0,02	-	-	-	-	0,07	0,05	R	PELV	4,9	0,766	III	4,9	0,7688
<i>Dentiscutata</i> sp.5	-	-	-	-	-	-	-	-	0,02	R	PELV	3,7	1,000	III	3,7	1,000
<i>Dominikia</i> sp.	*	-	-	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Entrophospora infrequens</i>	-	-	-	-	-	-	0,05	-	-	R	PELV	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Funneliformis geosporum</i>	-	-	-	-	-	-	0,30	-	-	R	PELV	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Fuscutata aurea</i>	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	-	-	-
<i>Fuscutata heterogama</i>	-	0,10	-	-	-	-	-	0,20	0,10	R	PELV	4,9	0,767	II	4,9	0,771
<i>Fuscutata rubra</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,07	-	R	PELV	3,7	1,000	II	3,7	1,000
<i>Fuscutata</i> sp.1	-	-	-	-	-	-	-	-	0,05	R	PELV	3,7	1,000	III	3,7	1,000
<i>Gigaspora decipiens</i>	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	II	3,7	1,000
<i>Gigaspora</i> sp.1	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	I	3,7	1,000

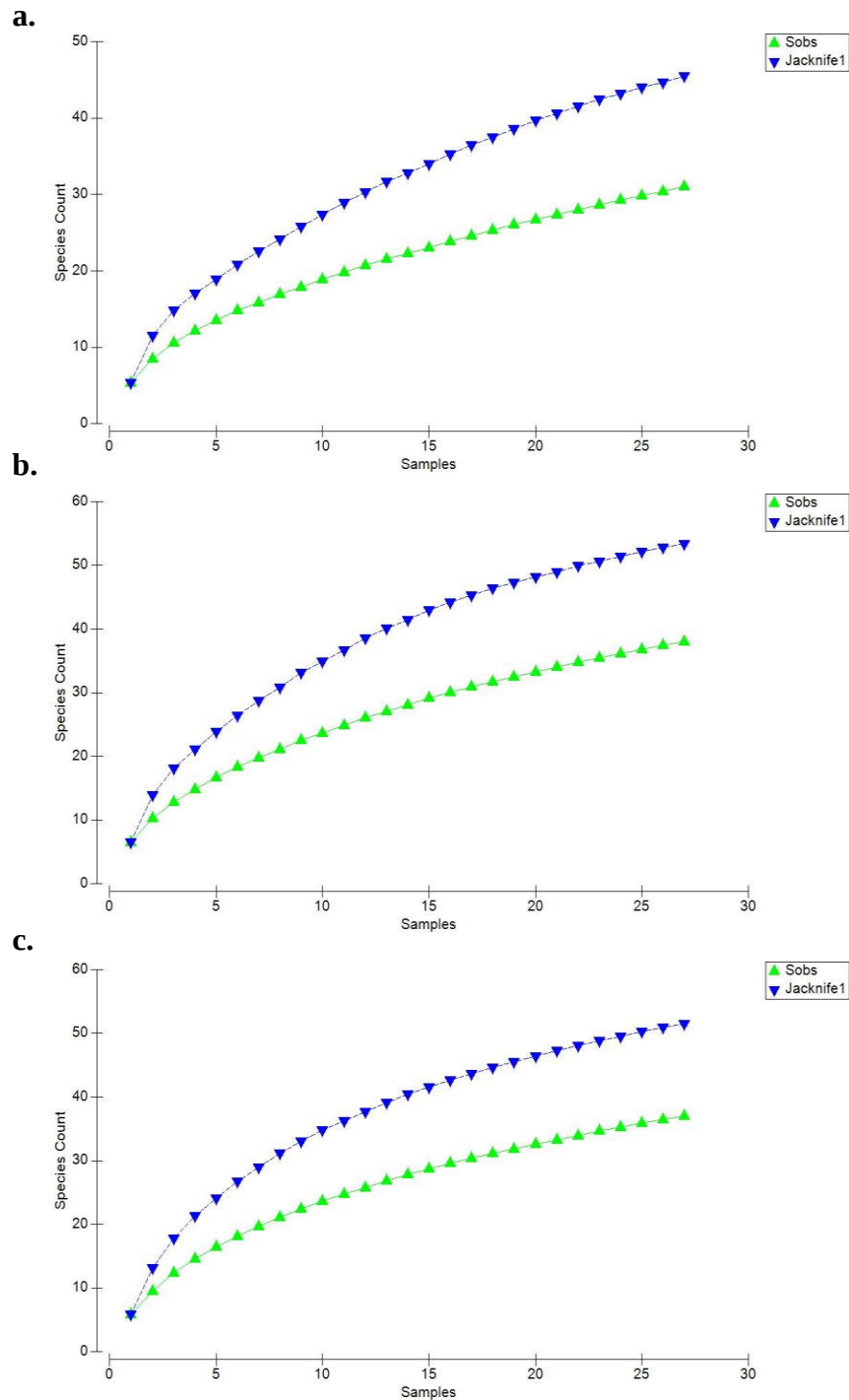
Continuação Tabela 4.

<i>Gigaspora</i> sp.2	-	-	-	-	-	-	0,10	-	-	R	PELV	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Gigaspora</i> sp.3	-	-	-	-	-	0,02	0,02	-	0,25	R	PELV	8,3	0,32	III	8,3	0,317
<i>Gigaspora</i> sp.4	-	-	-	-	0,02	0,07	-	-	0,02	R	PINT	4,9	0,771	III	4,9	0,77
<i>Glomus ambisporum</i>	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Glomus brohultii</i>	-	-	-	-	-	0,17	-	-	-	R	PINT	7,4	0,329	III	7,4	0,33
<i>Glomus glomerulatum</i>	-	-	-	0,07	-	0,62	-	-	-	R	PINT	11,1	0,103	I	4,9	0,77
<i>Glomus microcarpum</i>	-	0,10	-	1,36	-	-	0,27	-	-	R	PELV	5,6	0,686	I	15,4	0,043
<i>Glomus</i> sp.1	-	-	0,27	1,28	0,74	-	-	0,32	0,27	C	PINT	10,3	0,344	I	3,7	1,000
<i>Glomus</i> sp.2	-	-	-	0,07	0,05	-	-	-	-	R	PINT	7,4	0,324	I	1,9	1,000
<i>Glomus</i> sp.3	0,37	0,39	1,01	0,49	0,59	0,32	0,42	0,57	1,11	MC	PELV	17,4	0,786	III	17,4	0,78
<i>Glomus</i> sp.4	-	-	-	-	0,22	-	-	0,05	-	R	PINT	1,9	1,000	II	7,4	0,324
<i>Glomus</i> sp.5	-	0,10	-	-	0,12	-	-	-	-	R	PINT	1,9	1,000	II	7,4	0,34
<i>Glomus</i> sp.6	-	0,12	-	-	-	-	-	-	-	R	NP-Controle	3,7	1,000	II	3,7	1,000
<i>Glomus</i> sp.7	-	0,07	-	-	-	-	-	-	-	R	NP-Controle	3,7	1,000	II	3,7	1,000
<i>Glomus</i> sp.8	-	-	-	-	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Intraornatospora intraornata</i>	-	-	-	0,02	0,02	0,02	-	-	-	R	PINT	11,1	0,104	I	1,2	1,000
<i>Pacispora</i> sp.1	0,17	-	-	-	-	-	-	-	-	R	NP-Controle	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Paradentiscutata bahiana</i>	0,02	0,25	0,25	-	-	-	-	0,05	-	R	NP-Controle	13,2	0,108	II	8,5	0,494
<i>Racocetra fulgida</i>	*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Rhizoglomus aggregatum</i>	-	0,25	-	0,27	-	-	-	-	-	R	PINT	1,9	1,000	I	1,9	1,000
<i>Rhizoglomus</i> sp.1	-	-	-	-	-	-	-	0,07	-	-	PELV	3,7	1,000	II	3,7	1,000
<i>Rhizoglomus</i> sp.2	-	-	0,15	-	-	-	-	-	-	R	NP-Controle	3,7	1,000	III	3,7	1,000
<i>Sclerocystis coremioides</i>	-	-	-	-	-	0,12	-	-	-	R	PINT	7,4	0	III	7,4	0,33
<i>Sclerocystis sinuosa</i>	-	0,02	0,02	0,15	0,05	-	0,07	-	-	R	PINT	9,3	0	I	18,1	0,03
<i>Scutellospora calospora</i>	-	*	-	*	*	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-
<i>Scutellospora</i> sp.1	0,05	-	-	-	-	0,02	0,02	-	0,15	R	PELV	6,7	0,615	III	6,7	0,617
<i>Scutellospora</i> sp.2	0,39	0,37	0,42	0,17	0,17	0,12	0,32	0,32	0,35	MC	PELV	19,6	0,533	III	22,7	0,261
<i>Scutellospora</i> sp.3	-	-	-	0,17	-	-	-	-	-	R	PINT	7,4	0,322	I	7,4	0,326
<i>Scutellospora</i> sp.4	-	-	-	-	-	-	-	0,10	0,02	R	PELV	7,4	0,333	II	1,9	1,000
<i>Scutellospora</i> sp.5	-	0,15	-	-	-	-	-	0,07	-	R	NP-Controle	4,9	0,763	II	11,1	0,102
<i>Septoglomus</i> sp.1	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	R	PINT	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Septoglomus</i> sp.2	0,17	-	-	-	-	-	0,02	-	-	R	NP-Controle	1,9	1,000	I	7,4	0,32
<i>Septoglomus</i> sp.3	0,07	-	-	0,15	0,07	-	0,25	-	-	R	PINT	5,6	0,702	I	15,4	0,05
<i>Septoglomus</i> sp.4	-	-	-	-	-	-	0,17	-	-	R	PELV	3,7	1,000	I	3,7	1,000
<i>Septoglomus</i> sp.5	-	-	0,05	-	-	0,32	-	-	0,12	R	PINT	6,7	0,61	III	18,5	0,007
Riqueza de espécies	36			40			41									

*Espécie de FMA detectada em culturas armadilhas. D - dominantes; MC - muito comum; C – comum; R – rara. As espécies e famílias em negrito são consideradas fortes indicadores. VI: Valor de indicação (>25%). Nível de significância $p < 0,05$. Fonte: A autora, 2017.

As curvas de acumulação de espécies mostraram que o esforço amostral foi suficiente para acessar aproximadamente 70%, 71% e 72% da diversidade estimada pelo índice de Jackknife de primeira ordem nas áreas NP-C, PINT e PELV, respectivamente (Figura 7).

Figura 7. Curva de acumulação de espécies de FMA, independente do período de coleta, nas áreas com diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica (a. NP-Controle; b. PINT; c. PELV) no semiárido Brasileiro no Parque Nacional do Catimbau-PE



Fonte: A autora, 2017.

Entre as áreas não houve diferença estatística para os índices de riqueza de espécies (S), equitabilidade de Pielou (J') e índice de diversidade de Shannon-Wiener (H'). Entre os períodos de amostragem foi observada diferença apenas para o índice de Shannon-Wiener com menor diversidade no período seco (Tabela 5).

Tabela 5. Riqueza de espécies de FMA (S), índices de diversidade de Shannon-Wiener (H') e equitabilidade de Pielou (J') em áreas com diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica: NP-Controle- sem perturbação PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada e em período de amostragem, no semiárido Brasileiro no Parque Nacional do Catimbau-PE

Níveis de Perturbação				Período de Amostragem			
Índices ecológicos	NP-Controle	PINT	PELV	Índices ecológicos	Transição Seco/Chuvoso	Chuvoso	Seco
S	36a	40a	41a	S	43a	37a	30a
H'	2,22a	1,99a	1,90a	H'	2,33a	2,15a	1,63b
J'	0,78a	0,66a	0,62a	J'	0,76a	0,72a	0,56a

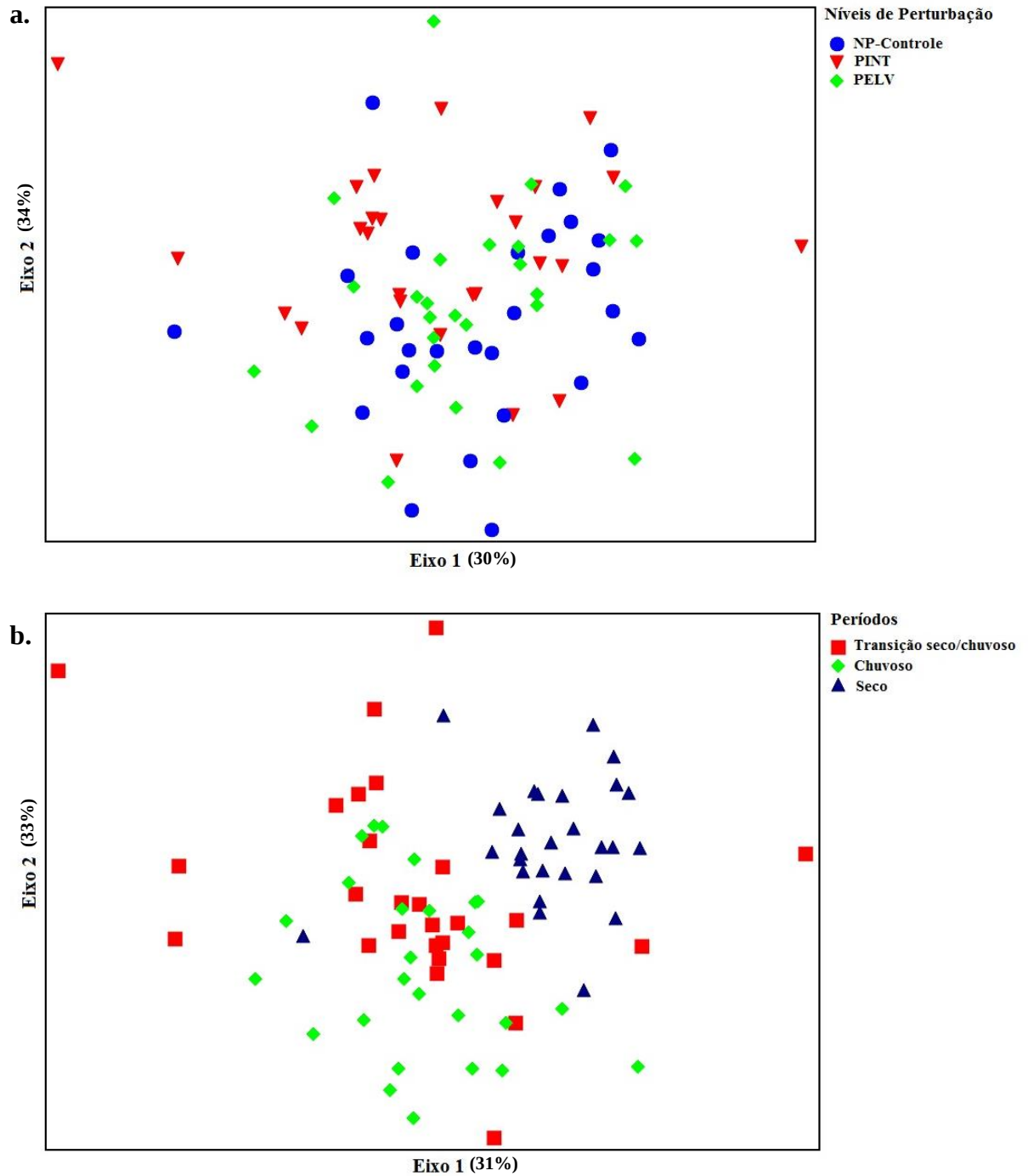
Médias seguidas pela mesma letra, na linha, não diferem pelo Teste de Tukey a 5% de probabilidade.
Fonte: A autora, 2017.

Com base na análise de PERMANOVA, as comunidades de FMA não diferiram significativamente entre os níveis de perturbação, entretanto as comunidades de FMA recuperadas no período chuvoso e no de transição seco/chuvoso diferiram do período seco ($F=8,59$; $p=0,0002$).

Os eixos da ordenação NMDS explicaram 64% da variabilidade dos dados da comunidade de FMA nas áreas com diferentes níveis de perturbação e nos períodos amostrados. Os eixos 1 e 2 da ordenação explicaram 30% e 34%, respectivamente, da variabilidade dos dados nas áreas e 31% e 33%, respectivamente, nos períodos. O NMDS também demonstrou que as comunidades de FMA foram semelhantes entre as áreas com diferentes níveis de perturbação, e diferiram entre os períodos de coleta, com as comunidades da estação seca divergindo das registradas nos períodos de transição seco/chuvoso e chuvoso (Figura 8).

Os resultados do BIO-ENV mostraram que o pH e o Ca são correlacionadas com a composição das comunidades de FMA nas áreas sob diferentes níveis de perturbação ($r = 0,303$; $p<0,05$), enquanto o Zn e a saturação de bases (V) influenciaram a composição das comunidades de FMA entre os períodos de amostragem ($r = 0,247$; $p<0,05$). O teste de Mantel demonstrou que não houve correlação significativa entre a composição das comunidades de FMA e as espécies de plantas.

Figura 8. Mudanças na composição da comunidade de fungos micorrízicos arbusculares, com base na ordenação NMS, nos solos em diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica (a) e períodos de amostragem (b) no Parque Nacional do Catimbau. Para essa análise foram utilizados dados de riqueza.



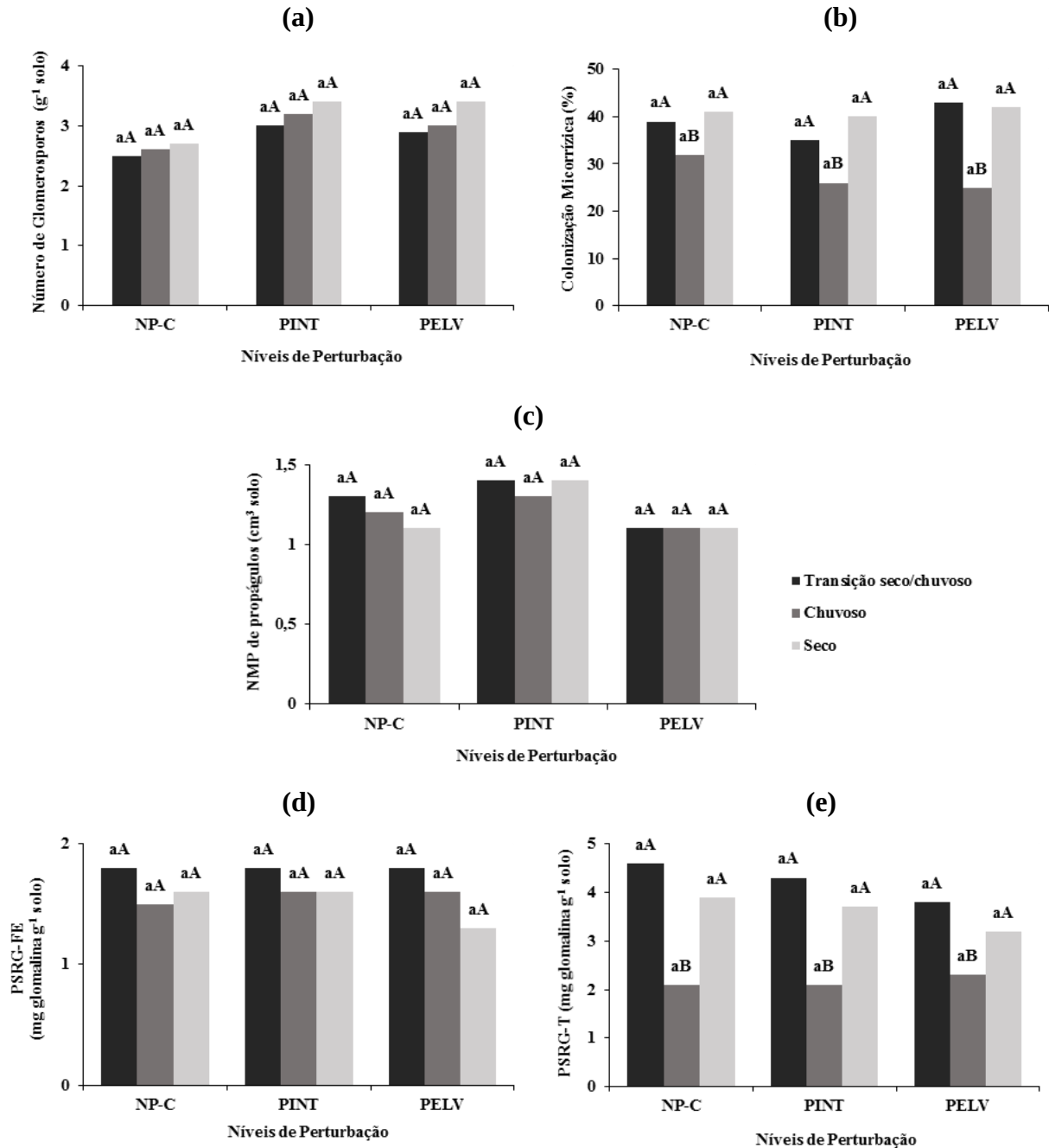
Fonte: A autora, 2017.

4.3 ATIVIDADE MICORRÍZICA

Não houve efeito entre os níveis de perturbação antropogênica crônica, dentro de cada período de coleta, para nenhuma das atividades estimadas: número de glomerosporos (NG), colonização micorrízica (CO), número mais provável de propágulos infectivos (NMP) de FMA e as duas frações (facilmente extraível e total) da proteína do solo relacionada à glomalina (Figura 9).

Considerando apenas os períodos de coleta, independente dos níveis de perturbação (NP-C, PINT e PELV), houve diferença estatística apenas para a colonização micorrízica e a fração total da proteína do solo relacionada à glomalina (PSRG-T), com o período de transição seco/chuvoso e seco apresentando maiores valores (Figura 9).

Figura 9. Número de glomerosporos (a), percentagem de colonização micorrízica (b), número mais provável de propágulos infectivos de FMA (c), teores de proteínas do solo relacionadas à glomalina facilmente extraível (PSRG-FE) (d) e total (PSRG-T) (e) em áreas sem e com níveis crescentes de perturbação (NP-C: área não perturbada; PINT: perturbação intermediária e PELV: perturbação elevada), nos períodos amostrados, no Parque Nacional do Catimbau (PE). Barras com a mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$). Letras minúsculas comparam entre áreas no mesmo período e letras maiúsculas comparam a mesma área nos diferentes períodos

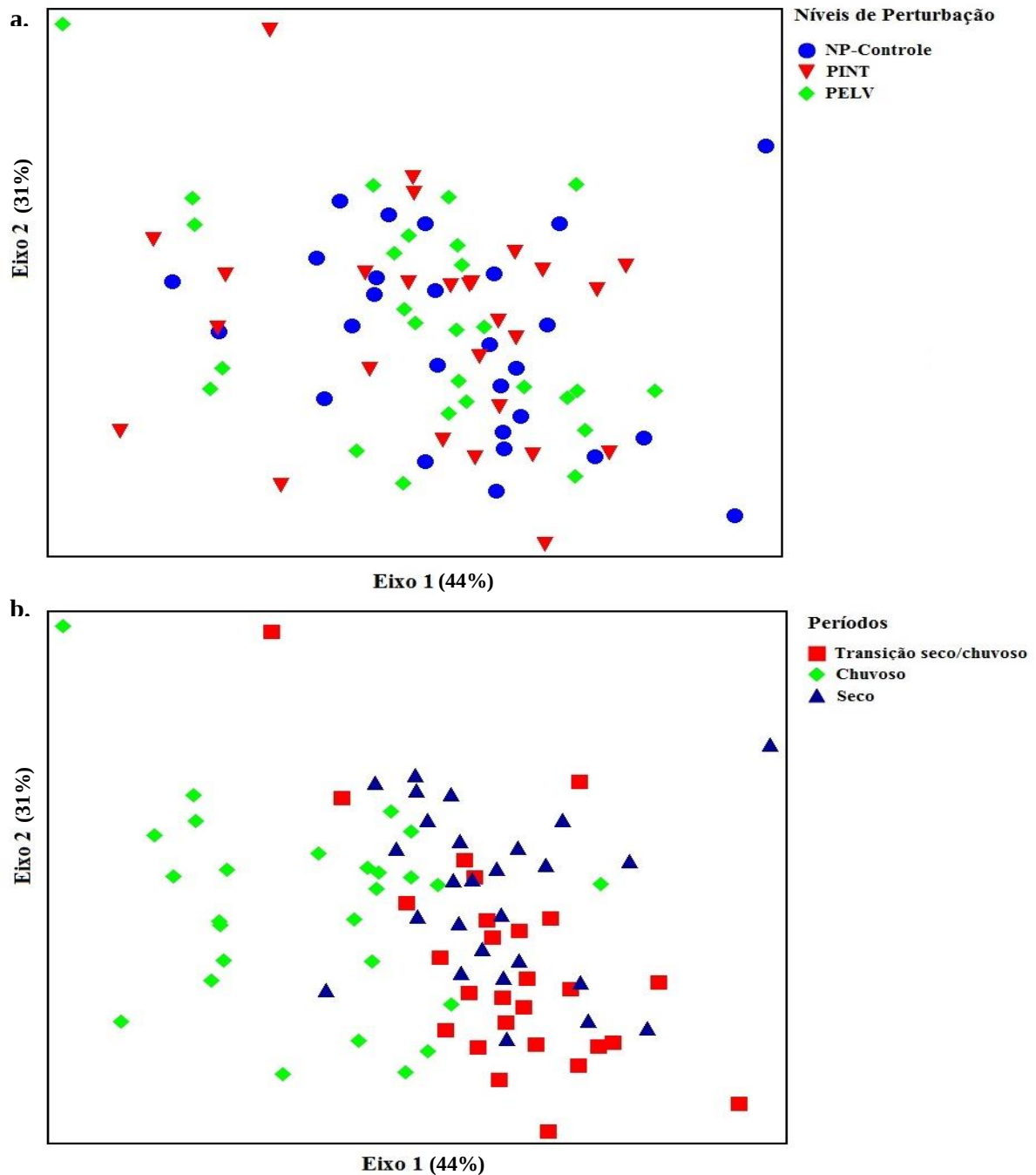


Fonte: A autora, 2017.

A atividade micorrízica de FMA, com base na análise de PERMANOVA, não diferiu significativamente entre os níveis de perturbação, entretanto o período seco e o de transição seco/chuvoso diferiram do chuvoso ($F=5,19$; $p=0,0001$).

Os eixos da ordenação NMDS explicaram 75% da variabilidade dos dados da comunidade de FMA nas áreas com diferentes níveis de perturbação e nos períodos amostrados. Os eixos 1 e 2 da ordenação explicaram 44% e 31%, respectivamente, da variabilidade dos dados nas áreas e períodos. O NMS também demonstrou que a atividade micorrízica foi semelhante entre os diferentes níveis de perturbação, mas diferiu entre os períodos de coleta, com a estação chuvosa destacando-se dos períodos seco e de transição seco/chuvoso (Figura 10).

Figura 10. A atividade de fungos micorrízicos arbusculares, com base na ordenação NMDS, nos solos em diferentes níveis de perturbação antropogênica crônica (a) e períodos de amostragem (b) no Parque Nacional do Catimbau- PE



Fonte: A autora, 2017

4.4 ANÁLISES MOLECULARES

Após as análises para verificação de qualidade e limpeza das sequências das amostras de solo e raiz foram obtidas 29.630 sequências (46% das sequências iniciais), das quais

17.963 (60%) foram relacionadas a 52 VTs de Glomeromycota do banco de dados MaarjAM (similaridade $\geq 97\%$). Comparando os VTs de FMA entre o solo e a raiz, observou-se que 42 VTs foram compartilhados entre os dois habitats, nove (um VT associado a *Gigaspora* e oito a *Glomus*) ocorreram exclusivamente em raízes e um (pertencente a *Glomus*) apenas em amostras de solo (Figura 11).

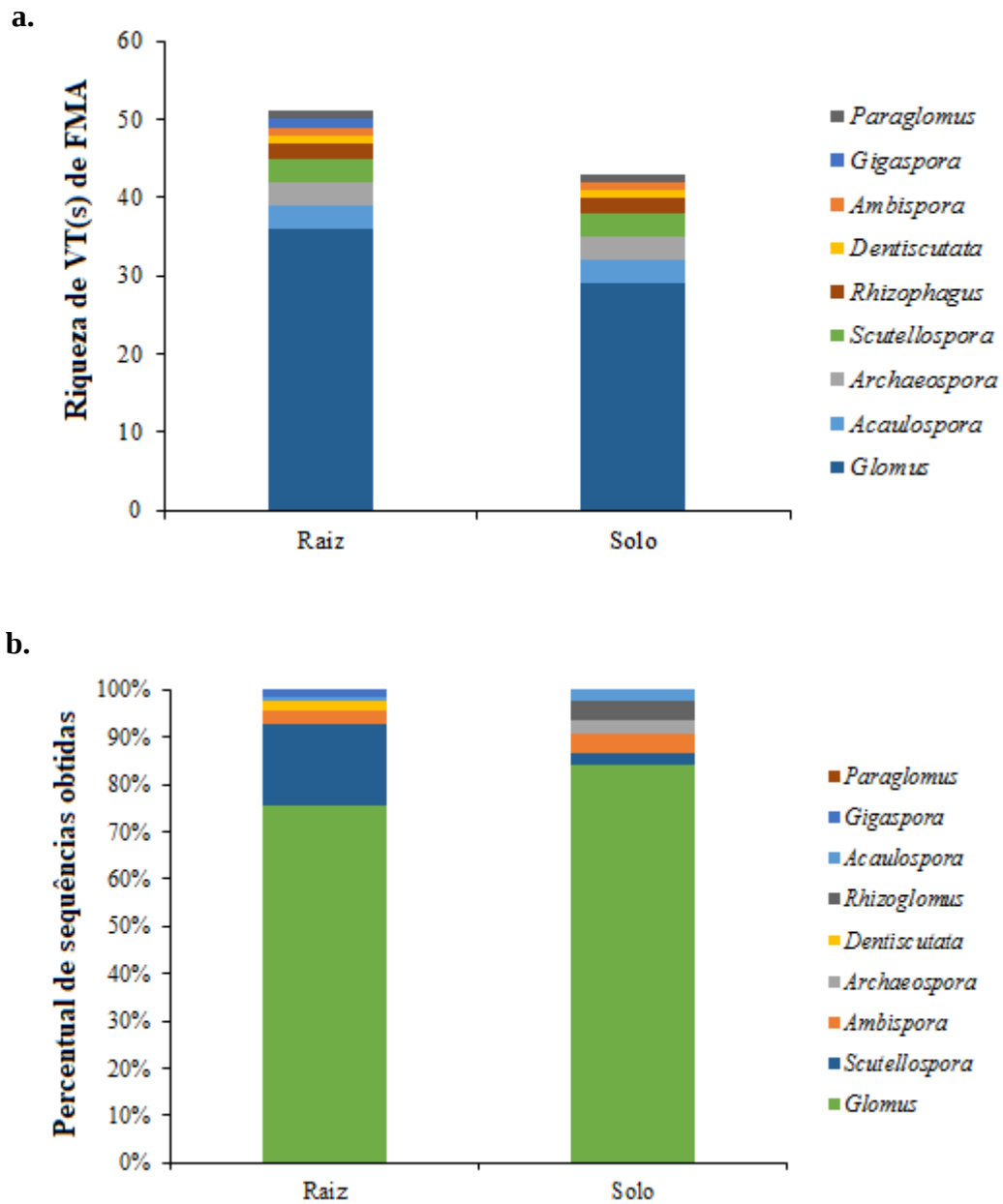
Figura 11. Diagrama de Venn mostrando o número de VTs únicos e compartilhados entre as amostras de solo e raízes.



Fonte: A Autora, 2017.

Nas amostras de raízes e de solo foram obtidos 51 e 43 VTs de FMA, respectivamente, distribuídos em oito famílias (Acaulosporaceae, Ambisporaceae, Archaeosporaceae, Dentiscutataceae, Gigasporaceae, Glomeraceae, Scutellosporaceae e Paraglomeraceae). Os gêneros *Acaulospora*, *Ambispora*, *Archaeospora*, *Dentiscutata*, *Glomus*, *Scutellospora*, *Paraglomus* e *Rhizoglomus* foram registrados no solo e nas raízes, no entanto *Gigaspora* foi encontrado apenas nas raízes (Tabela 6). *Glomus* foi o gênero mais representativo com maior riqueza de VTs e maior número de sequências obtidas sendo encontrado tanto nas raízes, quanto no solo (Figura 12).

Figura 12. Riqueza de VTs de FMA (a) e percentual de seqüências obtidas (b) no solo e em raízes coletados no Parque Nacional do Catimbau-PE.



Fonte: A Autora, 2017.

Considerando as amostras de solo, a área NP-Controle apresentou 19 VTs, dos quais três foram exclusivos (relacionados a *Glomus*), enquanto nas áreas PINT e PELV foram encontrados 32 e 24 VTs, respectivamente, sendo 10 VTs exclusivos em PINT e 6 em PELV. Por outro lado, oito VTs (um associado a *Acaulospora*, um a *Ambispora*, um a *Scutellospora* e cinco a *Glomus*) foram registrados em todas as áreas. Em relação aos diferentes períodos amostrados, um VT exclusivo relacionado a *Glomus* foi encontrado apenas no período de transição seco/chuvoso. Seis VTs associados a *Acaulospora* (1) e *Glomus* (5) foram registradas apenas no período chuvoso, enquanto no período seco foram observados 16 VTs exclusivos (um relacionado a *Acaulospora*, um a *Archaeospora*, um a *Dentiscutata*, 12 a *Glomus* e um a *Rhizoglomus*), sendo o período de coleta com o maior número de VTs exclusivos (Tabela 6).

A partir das amostras de raízes, a área NP-Controle foram encontrados 27 VTs, dos quais dois foram exclusivos (relacionados a *Archaeospora* e *Glomus*), enquanto as áreas PINT e PELV apresentaram 35 e 37 VTs, respectivamente, sendo cinco exclusivos em PINT e sete em PELV. Doze VTs (um associado a *Acaulospora*, um a *Ambispora*, um a *Dentiscutata*, um a *Scutellospora* e oito a *Glomus*) foram comuns a todas as áreas. Considerando os diferentes períodos amostrados, oito VTs (um relacionado *Acaulospora*, seis a *Glomus* e um a *Rhizoglomus*) foram registrados apenas no período de transição seco/chuvoso, sendo o período de coleta com o maior número de VTs exclusivos. Seis VTs associados a *Archaeospora* (2), *Glomus* (3) e *Paraglomus* (1) foram registradas apenas no período chuvoso; enquanto que, no período seco foram observados 3 VTs exclusivos (dois relacionado a *Glomus* e um a *Rhizoglomus*) (Tabela 6).

As análises moleculares do solo e das raízes permitiram a detecção de *Gigaspora gigantea*, *Dentiscutata heterogama*, *Scutellospora nodosa* e *Paraglomus occultum* não identificados na análise morfológica.

Tabela 6. Abundância relativa (%) dos VTs de FMA em amostras de solo e raízes de áreas sem e com dois níveis de perturbação (NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada) nas coletadas nos períodos de transição seco/chuvoso (I), chuvoso (II), e seco (III) no Parque Nacional do Catimbau-PE

Família	Gênero	Morfoespécie relacionada	VT	Solo									Raízes								
				NP-Controle			PINT			PELV			NP-Controle			PINT			PELV		
				I	II	III	I	II	III	I	II	III	I	II	III	I	II	III	I	II	III
Acaulosporaceae	<i>Acaulospora</i>	sp1	VTX00024	0,06	1,15	0,30	-	-	0,62	-	0,02	0,11	-	-	0,20	0,01	0,04	0,09	0,06	0,01	-
Acaulosporaceae	<i>Acaulospora</i>	sp2	VTX00026	-	-	-	-	-	1,11	-	0,15	0,19	-	0,04	-	-	-	-	0,07	-	-
Acaulosporaceae	<i>Acaulospora</i>	sp3	VTX00227	-	-	-	-	0,04	-	-	-	-	-	-	-	0,07	-	-	-	-	-
Ambisporaceae	<i>Ambispora</i>	<i>callosa</i>	VTX00242	-	0,21	1,53	-	0,02	0,06	0,02	0,83	1,51	0,01	0,52	0,31	-	0,07	-	0,01	1,62	0,12
Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i>	sp1	VTX00004	-	0,17	0,23	-	-	-	0,60	-	-	-	-	-	-	0,03	-	-	-	-
Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i>	sp2	VTX00245	-	1,64	-	-	-	-	-	-	0,04	-	0,05	-	-	-	-	-	-	-
Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i>	sp3	LT216694	-	-	0,11	-	-	0,04	-	-	-	0,01	-	0,01	0,01	0,05	-	-	-	-
Dentiscutataceae	<i>Dentiscutata</i>	<i>heterogama</i>	VTX00255	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	0,30	0,88	0,60	-	0,03	-	0,01	0,01	-
Gigasporaceae	<i>Gigaspora</i>	<i>gigantea</i>	VTX00039	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,69	-	-	-	-	0,01	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp1	VTX00053	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	0,12	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp2	VTX00063	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,17	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp3	VTX00064	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,04	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp4	VTX00069	-	-	-	-	-	1,11	-	-	-	-	-	-	0,25	0,07	-	1,40	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp5	VTX00076	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,05
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp6	VTX00087	-	-	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	0,03	-	-	0,03	0,27	0,09	0,09
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp7	VTX00090	-	-	-	-	-	-	-	-	0,21	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp8	VTX00092	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,01	0,04	0,01	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp9	VTX00093	-	-	5,73	-	0,04	7,78	-	2,56	0,21	-	0,21	3,91	0,21	0,01	0,67	0,10	0,93	0,04
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp10	VTX00096	-	-	0,21	-	-	0,40	-	-	0,17	-	-	0,26	0,03	0,23	0,02	0,01	0,11	0,17
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp11	VTX00099	-	-	-	-	0,04	0,26	-	-	-	-	-	-	0,13	0,01	0,16	4,81	0,02	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp12	VTX00112	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,10	0,53	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp13	VTX00124	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,01	0,04	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp14	VTX00126	-	-	0,45	-	-	-	-	-	-	-	0,04	-	-	-	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp15	VTX00130	-	-	-	0,11	-	1,09	-	-	-	-	-	-	0,08	-	-	0,01	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp16	VTX00132	-	-	-	-	-	0,28	-	-	0,23	-	-	-	-	0,01	-	0,09	0,01	0,01
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp17	VTX00146	-	-	-	-	-	0,11	-	-	0,11	-	-	-	0,02	0,01	-	0,03	0,01	0,01
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp18	VTX00167	-	-	-	-	-	-	-	0,15	-	-	-	-	0,04	-	-	-	0,12	-

Continuação Tabela 6.

Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp19	VTX00185	-	0,94	-	0,15	2,92	4,71	-	3,37	-	-	-	-	0,09	-	0,01	0,02	1,20	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp20	VTX00215	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,01	-	-	0,05	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp21	VTX00248	-	-	-	0,02	-	1,88	-	-	-	-	-	-	0,12	1,06	0,07	0,03	0,01	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp22	VTX00253	-	0,34	-	-	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	-	0,02
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp23	VTX00270	-	-	0,06	-	-	0,26	-	-	-	-	-	0,07	-	-	-	-	-	0,23
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp24	VTX00280	-	-	-	-	-	4,39	-	0,98	0,38	0,74	0,09	1,73	0,04	4,63	3,69	1,89	1,90	12,71
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp25	VTX00310	-	-	0,75	-	-	-	-	-	-	-	-	0,38	0,01	-	-	-	-	0,03
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp26	VTX00312	-	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	-	-	-	0,07	0,09
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp27	VTX00370	-	-	0,51	-	-	0,09	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,01	0,01	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp28	VTX00398	-	-	-	-	-	0,09	-	-	-	-	0,04	-	-	-	0,01	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp25	VTX00403	-	-	0,02	-	0,04	-	-	1,26	0,06	0,02	-	-	0,02	0,01	0,01	-	2,13	9,84
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp26	VTX00420	-	-	-	-	0,13	-	1,96	-	5,56	-	-	-	-	0,11	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp27	GCL_9	-	-	-	5,39	-	0,94	-	8,72	-	0,01	-	-	5,64	0,07	-	0,03	7,13	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp28	LH-G105	-	-	0,36	0,06	-	1,53	-	7,61	4,84	0,06	2,34	0,23	-	0,26	0,02	0,09	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp29	GCL_5	-	-	-	0,32	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp30	GCL_10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,01	-	-	-	0,07	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp31	KP227004	-	-	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	0,01	-	0,01	0,01	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp32	AB899764	-	-	0,11	-	-	0,28	-	-	-	-	-	0,01	-	0,05	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Glomus</i>	sp33	EF177496	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,07	-	-	-	0,03	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Rhizoglomus</i>	sp1	LT158655	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	0,15	0,01	-	-	-	-	-
Glomeraceae	<i>Rhizoglomus</i>	sp2	LT158719	3,69	-	-	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	-	-	0,06	-	-	-
Scutellosporaceae	<i>Scutellospora</i>	<i>calospora</i>	VTX00052	-	-	-	-	0,87	-	0,53	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	0,12	-
Scutellosporaceae	<i>Scutellospora</i>	<i>nodosa</i>	VTX00261	-	-	-	-	0,21	-	0,26	-	-	-	-	0,02	-	-	-	-	0,03	-
Scutellosporaceae	<i>Scutellospora</i>	sp1	VTX00318	-	-	0,17	0,02	-	-	-	0,45	-	6,32	8,68	0,40	-	1,54	-	-	0,01	0,03
Paraglomeraceae	<i>Paraglomus</i>	<i>occultum</i>	VTX00238	0,02	-	-	0,09	-	0,02	-	-	-	-	-	-	-	0,04	-	-	-	-
Riqueza total por período				3	6	14	8	11	23	5	13	15	11	11	17	20	22	14	26	24	14
Riqueza total por área				19			32			24			27			35			37		

Fonte: A autora, 2017.

5 DISCUSSÃO

As diferenças encontradas para alguns atributos físicos e químicos do solo entre as amostras, de acordo com o tipo de perturbação, estão relacionadas aos valores de saturação por bases (V), SB e CTC, maiores na área PINT e PELV e menores na área NP-C. Os maiores valores de Ca e K na área PINT e PELV contribuem para os maiores valores de SB, V e CTC nessas áreas.

O aumento de alguns nutrientes no solo nas áreas PINT e PELV durante o período seco provavelmente está relacionado ao acúmulo de matéria remanescente e à elevada quantidade de resíduos em decomposição, principalmente de origem vegetal (TABARELLI et al., 2013). A liberação de nutrientes oriundos dos resíduos deixados no solo após a exploração dos recursos naturais das florestas aumenta a concentração dos nutrientes disponíveis no solo (FERREIRA S.; LUIZÃO, F. J.; MIRANDA, S. A. F., 2001). Benites et al. (2010) relatam que a vegetação de áreas semiáridas perde suas folhas durante a estação seca o que aumenta a quantidade de resíduos orgânicos em decomposição no solo contribuindo para a melhoria da fertilidade do solo durante esse período.

Embora tenha havido uma pequena variação nas características do solo, com diferenças estatísticas entre algumas variáveis físicas e químicas entre as áreas e períodos, esses atributos não parecem ser o principal fator estruturador da atividade micorrízica e das comunidades de FMA nas áreas e nos períodos estudados. Apesar da análise de BIO-ENV ($p < 0,05$) ter selecionado o pH e o Ca (nível de perturbação) e Zn e V (períodos amostrados), como variáveis ambientais estruturantes das comunidades de FMA, essas correlações foram baixas ($r_s = 0,303$ e $r_s = 0,247$, respectivamente) refletindo que, nas áreas estudadas, outros fatores podem exercer maiores efeitos na comunidade desses fungos. A influência das propriedades do solo na atividade e nas comunidades de FMA não foi evidenciada em alguns estudos corroborando os resultados do presente trabalho (GONZÁLEZ-CORTÉS et al., 2012; PEREIRA et al., 2014; SILVA et al., 2015).

A relação entre a comunidade de FMA e espécies vegetais é amplamente reconhecida, entretanto nossos estudos não evidenciou correlação entre a matriz de riqueza de FMA e as matrizes das espécies de planta corroborando outros trabalhos (DUMBRELL et al., 2010; TIAN et al., 2009; URCELAY et al., 2009).

A atividade micorrízica e a composição das comunidades de FMA diferiram em relação aos períodos estudados, o que não foi observado para os locais, sem perturbação e

com níveis crescentes de perturbação, indicando que em regiões semiáridas a variação temporal tem efeito mais significativo sobre esses fungos que as perturbações antropogênicas em si (DANDAN; ZHIWEI, 2007).

A ausência de efeito dos níveis de perturbação na atividade micorrízica (NG, CO, NMP, PSRG-FE e PSRG-T) dentro de cada período de amostragem, indica que diante de perturbações constantes e frequentes, que moldam as florestas o efeito destas perturbações nas atividades dos FMA pode não ser tão evidente (SOTERAS et al., 2015; TEIXEIRA-RIOS et al., 2013), principalmente quando estudadas em curto prazo. Geralmente, a atividade micorrízica está relacionada à intensidade do distúrbio podendo aumentar ou diminuir em resposta ao nível de perturbação (GUADARRAMA et al., 2014; PICONE, 2000). No entanto, mudanças na atividade podem não ser observadas, uma vez que esses organismos podem se adaptar e contornar os efeitos das perturbações existentes no ambiente.

No presente estudo, a variação temporal parece ser um fator importante na atividade dos FMA, promovendo mudanças na colonização micorrízica e na PSRG-T durante os períodos com menores precipitações (Transição seco/chuvoso e Seco), independente do grau de perturbação. Durante as épocas de menor precipitação os FMA investem mais energia para manter-se colonizando as raízes das plantas, absorvendo mais nutrientes e água e garantindo a manutenção da simbiose (MAIA et al., 2010, NOBRE et al., 2015). Requena; Jeffries; Barea, (1996) relatam que as espécies vegetais de regiões semiáridas utilizam a associação micorrízica como forma de amenizar a deficiência hídrica. Esses resultados condizem com outros estudos em áreas semiáridas (AROCA; RUIZ-LOZANO, 2009; BIRHANE et al., 2010; LIMA; SALCEDO; FRAGA, 2007; MARTÍNEZ-GARCÍA, 2011; PAGANO; ZANDAVALLI; ARAÚJO, 2013; ZHANG et al., 2016).

No presente estudo não houve diferença no NMP entre as áreas e as épocas de amostragem, contrastando com outros trabalhos em regiões semiáridas (BIRHANE et al., 2010; MERGULHÃO et al., 2007; SILVA et al., 2001).

Diferentemente do NMP, o teor da PSRG-T foi influenciado pelo regime de precipitação verificando-se maior acúmulo dessa proteína no solo durante os períodos de transição seco/chuvoso e seco. Provavelmente este resultado pode ser uma resposta de proteção dos FMA diante de situações estressantes. Durante o período de estresse, é possível que essa fração proteica contribua ainda mais na agregação do solo favorecendo a aderência das hifas nas superfícies e aumentando a proteção de hifas fúngicas contra predadores e dessecação (BARTO et al., 2010; EMRAN; GISPERT; PARDINI, 2012; PENG; GUO; LIU, 2013).

Outros trabalhos realizados no semiárido mencionam a ausência de influência de variações sazonais nas concentrações de PSRG-FE (BIRD et al., 2002; CORNEJO et al., 2008) corroborando o encontrado no presente trabalho. Possivelmente, as mudanças no teor de PSRG-FE são percebidas em menor intensidade porque esta é a fração da proteína com tempo de vida mais curto e está sendo constantemente depositada ficando difícil acompanhar as variações. Purin; Kauberg Filho; Stürmer (2006) relatam que a variação do teor e decomposição da PSRG-FE é de difícil explicação.

A similaridade entre as áreas sem e com níveis crescentes de perturbação em relação às comunidades de FMA pode estar relacionada ao processo de homogeneização da biota, que pode estar ocorrendo nas florestas tropicais (LÔBO et al., 2011), e é caracterizada pela reorganização das espécies, selecionando as mais tolerantes a perturbações antropogênicas (SOTERAS et al., 2015).

Não houve efeito significativo dos níveis de perturbação antropogênica na riqueza e diversidade de espécies, contrastando com outros estudos realizados em florestas tropicais secas que relatam que a riqueza e diversidade de FMA diminuem com o aumento do nível de perturbação (DANDAN; ZHIWEI, 2007; MERGULHÃO et al., 2010; SCHNOOR et al., 2011; TIAN et al., 2009; TURRINI et al., 2008). Entretanto esses trabalhos foram conduzidos em áreas com perturbações antrópicas agudas que consistem na total descaracterização de uma área, tais como agrossistema, desmatamento e mineração.

Ao estudar os efeitos de perturbações em comunidades de plantas e formigas na Caatinga, Ribeiro-Neto et al. (2016) observaram similaridade na riqueza e diversidade da comunidade de formigas e redução na riqueza e alteração na diversidade de plantas. Esses resultados foram atribuídos ao uso dos recursos vegetais de forma direta pela população, sendo dessa forma a vegetação mais intensamente afetada; na medida em que a perturbação se intensifica, seus efeitos alcançam outros organismos, como as formigas que são afetadas indiretamente. Esses autores mostraram ainda que a presença de espécies adaptadas às perturbações em substituição a espécies sensíveis surge como um mecanismo chave que pode explicar a maioria das respostas detectadas ao nível de comunidade. Assim, ainda segundo Ribeiro-Neto et al. (2016), mudanças nas comunidades biológicas ocorrem em escalas diferentes nos níveis de perturbação, de acordo com cada grupo biológico.

Esta é a primeira pesquisa desenvolvida com FMA em áreas que sofrem perturbações antropogênicas de natureza crônica, as quais, e apesar de ocorrerem constantemente, essas perturbações não alteram o ambiente de maneira drástica, mas modifica-o gradualmente (MARTORELL; PETERS, 2005; SINGH, 1998).

Os efeitos das perturbações antropogênicas crônicas relacionados à composição taxonômica e funcional das comunidades de diversos grupos biológicos (fungos macroscópicos, plantas, formigas, aves e mamíferos) têm sido abordados por vários autores (BORGHESIO, 2008; CHRISTENSEN; RAYAMAJHI; MEILBY, 2009; RIBEIRO-NETO et al., 2016; RITO et al., 2016), e a maioria relata efeitos negativos sobre essas comunidades, como a diminuição da riqueza, abundância, uniformidade e diversidade de espécies (LEAL; ANDERSEN; LEAL, 2014; RIBEIRO et al., 2015). Entretanto, há relatos de efeitos neutros ocasionando similaridade nas comunidades substituindo as espécies sensíveis por mais adaptadas ao distúrbio (MEHTA et al., 2008; RIBEIRO et al., 2015); e também, efeitos positivos aumentando a diversidade taxonômica (LEAL; ANDERSEN; LEAL, 2014; RIBEIRO et al., 2015).

De acordo com os resultados, a mudança temporal também é um fator determinante na diversidade e composição das comunidades de FMA em ecossistemas semiáridos, diminuindo sua diversidade e aumentando a esporulação durante o período seco. Esses resultados foram semelhantes aos relatados em outros estudos realizados em ambientes semiáridos que apontam diminuição da diversidade de espécies e aumento da abundância de esporos na estação seca (FAJARDO, 2015; GUADARRAMA et al., 2014; PAGANO; ZANDEVALLI; ARAÚJO, 2013; SILVA et al., 2014; TEIXEIRA-RIOS et al., 2013). Ao contrário, a riqueza de espécies de FMA foi similar entre os períodos de amostragem corroborando também resultados de outros trabalhos no semiárido (DAVISON et al., 2012; GUADARRAMA et al., 2014; PAGANO; ZANDEVALLI; ARAÚJO, 2013; SILVA et al., 2014; SOTERAS et al., 2015).

O padrão observado está provavelmente relacionado ao fato de que as espécies de FMA respondem diferencialmente aos eventos de mudança, e a restrição de disponibilidade hídrica na estação seca pode ter representado importante fator de estresse. Nesse período, a planta entra em dormência ou diminui sua atividade metabólica, induzindo os microrganismos a ela associado a desenvolverem diferentes estratégias de adaptação e sobrevivência (BONFIM et al., 2010; PICONE, 2000). Além disso, os FMA se adaptam de maneira diferenciada a condições abióticas específicas de um determinado ambiente (SOUZA et al., 2003).

Embora não tenha diferido entre os níveis de perturbação e períodos de amostragem, a riqueza de espécies de FMA (68) pode ser considerada alta quando comparada com outros estudos realizados em solos preservados e degradados no semiárido, os quais registraram de 16 a 47 espécies (DANDAN; ZHIWEI, 2007; MELLO et al., 2012; PAGANO; SCOTTI;

CABELLO, 2011; SOUSA et al., 2014; TEIXEIRA-RIOS et al., 2013; TIAN et al., 2009). Algumas espécies (8) só foram recuperadas nas culturas armadilha, indicando a importância dessa análise para estudos taxonômicos complementando os dados de riqueza de espécies de FMA nos ambientes e possibilitando melhor avaliação e descrições das espécies (BŁASZKOWSKI; CZERNIAWSKA, 2011; MERGULHÃO et al., 2009; OEHL et al., 2009).

Dos 40 táxons de FMA registrados identificados em nível de gênero nesse estudo, 11 aparentemente constituem novos táxons (Tabela 3), confirmando a possibilidade de novos registros para o bioma (BERBARA et al., 2013) e ressalta a importância de estudos ecológicos em florestas tropicais secas, os quais têm contribuído, consideravelmente, para a ampliação dos registros da diversidade existente.

Maiores inferências sobre a riqueza de espécies de uma comunidade podem ser realizadas quando é determinado se o esforço amostral foi suficiente para acessar a riqueza total da comunidade (WHITCOMB; STUTZ, 2007). Estudos que utilizaram a curva de acumulação de espécies para determinar o número esperado de espécies em áreas semiáridas, também relataram que o esforço amostral não foi suficiente para detectar todas as espécies de FMA (PICONE, 2000; TEIXEIRA-RIOS et al., 2013; WHITCOMB; STUTZ, 2007) corroborando os resultados do presente trabalho.

Todos os gêneros de FMA registrados neste trabalho já foram citados em outros estudos em áreas de floresta tropical seca (BERBARA et al., 2013; GOTO et al., 2010b; MAIA et al., 2010), sugerindo que estão adaptados às condições adversas do semiárido.

A predominância de espécies de *Glomus* e *Acaulospora* já era esperada, pelo referido na maioria dos estudos em ambiente semiárido, independente do tipo e intensidade de perturbação nos diferentes ecossistemas (ABDELHALIM et al., 2014; MAIA et al., 2010; MERGULHÃO et al., 2009; SILVA et al., 2014). Essa dominância pode estar correlacionada com a disseminação, adaptabilidade e capacidade de sobreviverem sob condições adversas em diversos ambientes (DANDAN; ZHIWEI, 2007; OEHL et al., 2010; ÖPIK et al., 2013). Além disso, esses são os gêneros de FMA com maior número de espécies descritas (MAIA et al., 2010).

Acaulospora herrerae, *Ac. morrowiae*, *Ac. rehmi*, *Ac. spinosa*, *Claroideoglomus etunicatum*, *Entrophospora infrequens*, *Funneliformis geosporum*, *Gigaspora decipiens*, *Glomus brohultii*, *Gl. glomerulatum* e *Sclerocystis coremioides*, exclusivas das áreas degradadas (PINT e PELV), foram relatadas por outros autores como generalistas (FURRAZOLA et al., 2013; GOTO et al., 2010b; MAIA et al., 2010; SILVA et al., 2014;

TIAN et al., 2009; TREJO; BAROIS; SANGABRIEL-CONDE, 2016). A ocorrência de espécies generalistas em diversos tipos de ambientes indica alta plasticidade e adaptação aos ecossistemas quando submetidos a diferentes estresses ambientais e antropogênicos (OEHL et al., 2003; ZANGARO; MOREIRA, 2010).

A maioria das espécies registradas no presente estudo foi de ocorrência rara. Observou-se aumento no número de espécies raras com a intensidade do nível de perturbação, contrastando com outros relatos onde o aumento da perturbação acarretou diminuição de espécies raras (TREJO; BAROIS; SANGABRIEL-CONDE, 2016). Essas espécies raras poderiam estar associadas à ocorrência de microhabitats específicos nas áreas perturbadas, onde teriam melhores performances (CONNELL; TRACEY; WEBB, 1984; WRIGHT, 2002).

As espécies de *Acaulospora*, consideradas indicadoras para os dois períodos de amostragem (chuvoso e seco), possivelmente representam novas espécies para a ciência. Na teoria de seleção C-S-R, *Acaulospora* é considerada estresse tolerantes que é caracterizada por organismos que desenvolveram estratégias que permitem a permanência desses orgânicos em situações de estresses (GRIME, 1977 *apud* CHAGNON et al., 2013). Além disso, táxons deste gênero são amplamente adaptadas a diversas condições ambientais, pois produzem grande quantidade de esporos, com rápido e eficaz mecanismo de propagação, respondendo rapidamente as condições do ambiente, permitindo sua dominância em ecossistemas adversos (CHAGNON et al., 2013). As espécies indicadoras mostram que os ambientes nos quais ocorrem possuem condições ótimas para o seu crescimento, ou que estas espécies foram mais competitivas nessas áreas, adaptando-se bem às condições locais (SILVA et al., 2015).

No presente estudo não foi detectada nenhuma espécie indicadora para as áreas em função dos níveis crescentes de perturbação da vegetação. Na área controle, esse resultado pode estar associado ao fato desta constituir um ambiente estável onde as espécies vivem em equilíbrio. Por outro lado, nas áreas PINT e PELV onde a perturbação é constante, os efeitos do distúrbio na comunidade de FMA podem não ser tão evidentes, especialmente a curto prazo, dificultando a identificação de espécies mais associadas a essas áreas.

5.1 ANÁLISES MOLECULARES

O número de VTs de FMA registrado no solo (43) e raízes (51) pode ser considerado elevado quando comparado com outros estudos realizados em regiões semiáridas (ALGUACIL; TORRES; MONTESINOS-NAVARRO, 2016; GAO et al., 2016;

TORRECILLAS; ALGUACIL; ROLDÁN, 2012). Entretanto, comparações diretas entre diferentes estudos devem ser realizadas com cautela, uma vez que o número de VTs depende da análise das sequências e dos limiares utilizados nas análises das sequências (RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA et al., 2017). Em artigo recente, Rodríguez-Echeverría et al. (2017) detectaram um total de 147 VTs de FMA em cinco ecossistemas naturais na África; para esses autores a alta diversidade de FMA nos ambientes avaliados demonstra que ecossistemas tropicais secos podem sustentar comunidades de FMA altamente diversas e que a estrutura dessas comunidades está fortemente relacionada ao tipo de vegetação nos diferentes ambientes.

O compartilhamento de VTs entre solo e raízes confirma que as plantas apenas recrutam, a qualquer momento, uma fração dos FMA presentes no solo (DAVISON et al., 2011). Varela-Cervero et al. (2015) relatam que as comunidades de FMA do solo e de raízes são altamente compartilhadas; no entanto, as espécies predominantes diferem entre solo e raízes, o que pode ter relação com as diferentes estratégias de sobrevivência dos FMA, que se adaptam de maneira diferenciada a condições específicas de um determinado ambiente (HART et al., 2015; SOUZA et al., 2003).

Todas as famílias e gêneros de FMA registrados neste trabalho foram observados em estudos realizados em áreas de floresta tropical seca (ALGUACIL; TORRES; MONTESINOS-NAVARRO, 2016; GAO et al., 2016; TORRECILLAS; ALGUACIL; ROLDÁN, 2012). A predominância de representantes de *Glomus* no solo e raízes das áreas estudadas corrobora pesquisas que indicam ampla distribuição e prevalência desse gênero em raízes e solos de ambientes semiáridos (CARTER et al., 2014; PIVATO et al., 2007; TORRECILLAS; ALGUACIL; ROLDÁN, 2012). A escolha do primer também pode ter contribuído para esses resultados. Van Geel et al. (2014), avaliando diferentes pares de primers para caracterização de comunidades de FMA em análises de pirosequenciamento, observaram que o par de iniciadores AML2 e NS31 favoreceu a amplificação de sequências de Glomeraceae. Esses autores também observaram que o uso dos iniciadores NS31-AML2, apesar de ter sido a combinação mais promissora na análise de iniciadores *in silico*, quando combinados reduziram a especificidade de FMA para 77%.

Apesar das análises moleculares não terem detectado representantes de *Gigaspora* no solo, é possível afirmar, com base nas análises morfológicas, que espécies desse gênero estão presente nas amostras de solo (Tabela 4), reforçando a importância de estudos moleculares e morfológicos na análise da diversidade de FMA.

Considerando as amostras de solo e raízes, a área NP-Controle apresentou o menor número de VTs quando comparada as áreas PINT e PELV. Esses resultados mostram uma diferença clara na composição das comunidades de FMA entre as áreas sem perturbação e mesmo entre as áreas com diferentes níveis de perturbação e nos três períodos amostrados, evidenciando que variações sazonais em ambientes semiáridos contribuem para definir a composição de espécies de FMA. Entretanto, pesquisas adicionais são necessárias para melhor esclarecer como as variações sazonais e os distúrbios antrópicos moldam a diversidade e a atividade das comunidades de FMA (colonização/presença no solo ou raiz) em condições semiáridas.

6 CONCLUSÕES

As perturbações antropogênicas crônicas não afetaram a atividade micorrízica e as comunidades de FMA. Por outro lado, a variação temporal é um fator determinante na atividade e composição das comunidades de FMA nas áreas estudadas, com os períodos de menor precipitação apresentando maior atividade fúngica e menor diversidade de espécies de FMA.

A atividade e as comunidades de FMA não são diretamente influenciadas pelas características do solo e pela a vegetação nas áreas controle e perturbadas.

Estudo que incluam abordagem morfológica e molecular é essencial para obter informações mais precisas sobre a comunidade de FMA e para o avanço no conhecimento ecológico e taxonômico desses fungos.

REFERÊNCIAS

- ABDELHALIM, T. S. et al. Species composition and diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in White Nile state, Central Sudan. **Archives of Agronomy and Soil Science**, v. 60, p. 377–391, 2014.
- AGRITEMPO. **Sistema de monitoramento agrometeorológico**. Disponível em: <<https://www.agritempo.gov.br/agritempo/index.jsp>>. Acesso em: 26 set. 2016.
- AGUIAR, R. **Uso e propriedades do solo: efeitos nas micorrizas arbusculares**. Tese. Universidade Federal de Pernambuco, 2004.
- ALBUQUERQUE, P. P. **Diversidade de Glomeromycetes e atividade microbiana em solos sob vegetação nativa do semi-árido de Pernambuco**. Tese. Universidade Federal de Pernambuco, 2008.
- ALGUACIL, M. M.; ROLDÁN, A.; TORRES, M. P. Complexity of semiarid gypsophilous shrub communities mediates the AMF biodiversity at the plant species level. **Microbial Ecology**, v. 57, n. 4, p. 718–727, 2009.
- ALGUACIL, M.; TORRES, P.; MONTESINOS-NAVARRO, A. Communities in semiarid mediterranean soils. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 82, n. 11, p. 3348–3356, 2016.
- ALMEIDA, V. S.; BANDEIRA, F. P. S. F. O significado cultural do uso de plantas da caatinga pelo quilombolas do Raso da Catarina, município de Jeremoabo, Bahia, Brasil. **Rodriguésia**, v. 61, n. 2, p. 195–209, 2010.
- ALVES, G. S. et al. Contribuição do *Croton blanchetianus* Baill na produção de serrapilheira e ciclagem de nutrientes em área do Seridó da Paraíba. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 9, n. 3, p. 50–57, 2014.
- ALVES, J. J. A.; ARAÚJO, M. A. DE; NASCIMENTO, S. S. DO. Degradação da Caatinga: uma investigação ecogeográfica. **Revista Caatinga**, v. 22, n. 3, p. 126–135, 2009.
- ANDRADE-LIMA, D. DE. The caatingas dominium. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 4, p. 149–153, 1981.
- ANGELOTTI, F.; SÁ, I. B.; MELO, R. F. DE. Mudanças climáticas e desertificação no semiárido Brasileiro. In: ANGELOTTI, F. et al. (Eds.). **Mudanças climáticas e desertificação no semiárido Brasileiro**. Petrolina-PE: Embrapa Semiárido; Campinas-SP: Embrapa Informática Agropecuária, 2009. p. 41–49.
- ANWAR, G. **Arbuscular mycorrhizal fungi of northern white cedar (*Thuja occidentalis* L.): Habitat effects on fungal communities and inoculum effects on plant**. Dissertação. Michigan Technological University, 2016.

APPOLONI, S. et al. Molecular community analysis of arbuscular mycorrhizal fungi in roots of geothermal soils in Yellowstone National Park (USA). **Microbial Ecology**, v. 56, n. 4, p. 649–659, 2008.

ARAÚJO, S. M. S. DE. A região semiárida do nordeste do Brasil: questões ambientais e possibilidades de uso sustentável dos recursos. **Revista Rios Eletrônica - Revista Científica da FASETE**, v. 5, n. 5, p. 89–98, 2011.

AROCA, R.; RUIZ-LOZANO, J. M. Induction of plant tolerance to semi-arid environments by beneficial soil microorganisms – a review. In: LICHTFOUSE, E. (Ed.). **Climate Change, Intercropping, Pest Control and Beneficial Microorganisms**. Sustainable Agriculture Reviews 2, 2009. p. 121–135.

BALSER, T. C.; GUTKNECHT, J. L. M.; LIANG, C. How will climate change impact soil microbial communities? In: DIXON, G. R.; TILSTON, E. L. (Eds.). **Soil Microbiology and Sustainable Crop Production**. Springer Netherlands, 2010. p. 373–397.

BARTO, E. K. et al. Contributions of biotic and abiotic factors to soil aggregation across a land use gradient. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 42, n. 12, p. 2316–2324, 2010.

BELLO, F. DE et al. Evidence for scale and disturbance dependent trait assembly patterns in dry semi-natural grasslands. **Journal of Ecology**, v. 101, n. 5, p. 1237–1244, 2013.

BENITES, V. DE M. et al. Potássio, cálcio e magnésio na agricultura brasileira. In: PROCHNOW, L. I. (Ed.). **Boas práticas para uso eficiente de fertilizantes: Nutrientes**. Volume 2 ed. IPNI Brasil, 2010. p. 100–130.

BENTIVENGA, S.; MORTON, J. Systematics of glomalean endomycorrhizal fungi: current views and future directions. In: PFLEGER, F. F.; LINDERMAN, R. G. (Eds.). **Mycorrhizae and Plant health**. St. Paul: APS Press, 1994. p. 283–308.

BERBARA, R. L. L. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi: essential belowground organisms in tropical dry environments. In: SANCHEZ-AZOFEIFA, A. et al. (Eds.). **Tropical Dry Forests in the Americas: Ecology, Conservation, and Management**. Boca Raton, Florida : CRC Press, 2013. p. 237–247.

BIRD, S. et al. Spatial heterogeneity of aggregate stability and soil carbon in semi-arid rangeland. **Environmental Pollution**, v. 116, p. 445–455, 2002.

BIRHANE, E. et al. Arbuscular mycorrhizal associations in *Boswellia papyrifera* (frankincense-tree) dominated dry deciduous woodlands of Northern Ethiopia. **Forest Ecology and Management**, v. 260, n. 12, p. 2160–2169, 2010.

BLASZKOWSKI, J. **The Glomeromycota**. 1rd. ed. Institute of Botany: Polish Academy of Sciences, 2012.

BLASZKOWSKI, J. et al. Two new genera, *Dominikia* and *Kamienskia*, and *D. disticha* sp. nov. in Glomeromycota. **Nova Hedwigia**, v. 1, p. 225–238, 2014.

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.

BONFANTE, P.; GENRE, A. Mechanisms underlying beneficial plant-fungus interactions in mycorrhizal symbiosis. **Nature communications**, v. 1, n. 4, p. 48, 2010.

BONFIM, J. A. et al. Fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e aspectos fisiológicos em cafeeiros cultivados em sistema agroflorestal e a pleno sol. **Bragantia**, v. 69, n. 1, p. 201–206, 2010.

BORGHESIO, L. Effects of human subsistence activities on forest birds in northern Kenya. **Conservation Biology**, v. 22, n. 2, p. 384–394, 2008.

BORRIELLO, R. et al. Effects of different management practices on arbuscular mycorrhizal fungal diversity in maize fields by a molecular approach. **Biology and Fertility of Soils**, v. 48, n. 8, p. 911–922, 2012.

BOYER, L. R. **Population biology and interactions of arbuscular mycorrhizal fungi and their benefits in strawberry cultivation**. Tese. University of Kent, 2014.

BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantitation microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, v. 72, p. 248–254, 1976.

BROWER, J. E.; ZAR, J. H. Community similarity. In: BROWER, J.E., ZAR, J. H. (Ed.). **Field and laboratory methods for general ecology**. 3rd. ed. W.C. Brown Publishers, 1984.

BRUNDRETT, M. C.; ABBOTT, L. K.; JASPER, D. A. Glomalean mycorrhizal fungi from tropical Australia II . The effect of nutrient levels and host species on the isolation of fungi. **Mycorrhiza**. n. 8, p. 305–314, 1999.

CARAVACA, F. et al. Survival of inocula and native AM fungi species associated with shrubs in a degraded Mediterranean ecosystem. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 37, n. 2, p. 227–233, 2005.

CARNEIRO, R. F. V. et al. Fungos micorrízicos arbusculares como indicadores da recuperação de áreas degradadas no Nordeste do Brasil. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 648–657, 2012.

CARTER, K. A. et al. Assessing the diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in semiarid shrublands dominated by *Artemisia tridentata* ssp. wyomingensis. **Mycorrhiza**, v. 24, p. 301–314, 2014.

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.

CESARO, P. et al. Preferential colonization of *Solanum tuberosum* L. roots by the fungus *Glomus intraradices* in arable soil of a potato farming area. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 74, n. 18, p. 5776–5783, 2008.

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.

CHRISTENSEN, M.; RAYAMAJHI, S.; MEILBY, H. Balancing fuelwood and biodiversity concerns in rural Nepal. **Ecological Modelling**, v. 220, p. 522–532, 2009.

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 6: Getting Started with v6. p. 1–12, 2006.
COCHRAN, W. Estimation of bacterial densities by means of the most probable number. **Biometrics**, v. 6, p. 105–116, 1950.

COLOZZI-FILHO, A.; CARDOSO, E. J. B. N. Detecção de fungos micorrízicos arbusculares em raízes de cafeeiro e de crotalária cultivada na entrelinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 10, p. 2033–2042, 2000.

CONNELL, J. H. ; TRACEY, J. G.; WEBB, L. J. . Compensatory recruitment, growth, and mortality as factors maintaining rain forest tree diversity. **Ecological Monographs**, v. 54, n. 2, p. 141–164, 1984.

CORNEJO, P. et al. Glomalin-related soil protein in a Mediterranean ecosystem affected by a copper smelter and its contribution to Cu and Zn sequestration. **The Science of the total environment**, n. 1–2, p. 154–60, 2008.

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.

DA SILVA, L. X. et al. Fungos micorrízicos arbusculares em áreas de plantio de leucena e sábia no Estado de Pernambuco. **Revista Arvore**, v. 31, n. 3, p. 427–435, 2007.

DANDAN, Z.; ZHIWEI, Z. Biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the hot-dry valley of the Jinsha River, southwest China. **Applied Soil Ecology**, v. 37, n. 1–2, p. 118–128, 2007.

DANTAS, B. L. et al. Diversidade de fungos micorrízicos arbusculares em pomar orgânico no semiárido cearense. **Ciência Rural**, v. 45, n. 8, p. 1480–1486, 2015.

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, 2012.

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. 1004–12, 2003.

DOUGLAS, M. E.; ENDLER, J. A. Quantitative matrix comparison in ecological and evolutionary investigations. **Journal of Theoretical Biology**, v. 99, p. 777–795, 1982.

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. **International Society for Microbial Ecology**, v. 4, p. 337–345, 2010.

EDGAR, R. C. et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. **Bioinformatics**, v. 27, p. 2194–2200, 2011.

EMBRAPA. **Manual de métodos de análise de solo**. 2. ed. 1997.

EMRAN, M.; GISPERT, M.; PARDINI, G. Patterns of soil organic carbon, glomalin and structural stability in abandoned Mediterranean terraced lands. **European Journal of Soil Science**, v. 63, n. 5, p. 637–649, 2012.

ESTRADA, B. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of *Asteriscus maritimus* (L.) Less., a representative plant species in arid and saline Mediterranean ecosystems. **Journal of Arid Environments**, v. 97, p. 170–175, 2013.

FAJARDO, L. Morphotype-based characterization of arbuscular mycorrhizal fungal communities in a restored tropical dry. **Revista de Biologia Tropical**, v. 63, p. 859–870, 2015.

FELDMANN, F.; IDCZAK, E. Inoculum production of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for use in tropical nurseries. In: **Methods in Microbiology**. 1992. v. 24p. 339–357.

FERREIRA, A. C. DE A. **Ecologia e diversidade de fungos micorrízicos arbusculares em área de caatinga**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, 2010.

FERREIRA, P. S. M. **Leguminosae Adans. da área de Proteção Ambiental (APA) do Cariri Paraibano, Nordeste do Brasil**. Trabalho de conclusão de curso. Universidade Estadual da Paraíba, 2012.

FERREIRA S.; LUIZÃO, F. J.; MIRANDA, S. A. F., S. J. F. C. Nutrientes no solo em floresta de terra firme cortada seletivamente na Amazônia central. **Acta Amazonica**, v. 31, n. 3, p. 381–396, 2001.

FORZZA, R. C. et al. New Brazilian floristic list highlights conservation challenges. **BioScience**, v. 62, n. 1, p. 39–45, 2012.

FURRAZOLA, E. et al. *Acaulospora herrerae*, a new pitted species in the Glomeromycetes from Cuba and Brazil. **Nova Hedwigia**, v. 97, n. 3–4, p. 401–413, 2013.

GAI, J. P. et al. A preliminary survey of the arbuscular mycorrhizal status of grassland plants in southern Tibet. **Mycorrhiza**, v. 16, n. 3, p. 191–196, 2006.

GAO, C. et al. Increased precipitation, rather than warming, exerts a strong influence on arbuscular mycorrhizal fungal community in a semiarid steppe ecosystem. **Botany**, v. 94, p. 459–469, 2016.

GATTAI, G. DE S. **Efeitos dos fungos micorrízicos arbusculares sobre o crescimento de espécies arbustivas e atividade microbiana em solo contaminado com metais pesados**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, Recife – PE, 2006.

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.

GIBB, H. et al. Climate mediates the effects of disturbance on ant assemblage structure. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 282, n. 1808, 2015.

GILLET, J. *Commiphora* (Burseraceae) in South America and its relationship to Bursera. **Kew Bulletin**, n. 34, p. 569–587, 1979.

GIOVANETTI, M.; MOSSE, B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots. **New Phytologist**, n. 84, p. 489–50, 1980.

GONZÁLEZ-CORTÉS, J. C. et al. Arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) communities and land use change: the conversion of temperate forests to avocado plantations and maize fields in central Mexico. **Fungal Ecology**, v. 5, n. 1, p. 16–23, 2012.

GORZELAK, M. A. et al. Molecular approaches for AM fungal community ecology: a primer. **Journal of Microbiological Methods**, v. 90, n. 2, p. 108–114, 2012.

GOTO, B. T. et al. *Racocetra intraornata*, a new species in the Glomeromycetes with a unique spore wall structure. **Mycotaxon**, 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, 2010a.

GOTO, B. T. et al. Checklist of the arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) in the Brazilian semiarid. **Mycotaxon**, v. 113, p. 251–254, 2010b.

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. Intraornatosporaceae (Gigasporales), a new family with two new genera and two new species. **Mycotaxon**, v. 119, p. 117–132, 2012.

GOTO, B. T. et al. *Septoglomus titan*, a new fungus in the Glomeraceae (Glomeromycetes) from Bahia, Brazil. **Mycotaxon**, v. 124, p. 101–109, 2013.

GOTO, B. T.; JOBIM, K. **Diversidade de Glomeromycota. Laboratório de Biologia de Micorrizas, Universidade Federal do Rio Grande do Norte**. Disponível em: <<http://glomeromycota.wixsite.com/lbmicorrizas/cpia>>. Acesso em: 25 mar. 2017.

GUADARRAMA, P. et al. Arbuscular mycorrhizal fungal communities in changing environments: the effects of seasonality and anthropogenic disturbance in a seasonal dry forest. **Pedobiologia**, v. 57, n. 2, p. 87–95, 2014.

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

HAUFF, S. N. Representatividade do sistema nacional de unidades de conservação na Caatinga. **Programa das nações unidas para o desenvolvimento**, p. 54, 2010.

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.

HIGO, M. et al. Diversity and vertical distribution of indigenous arbuscular mycorrhizal fungi under two soybean rotational systems. **Biology and Fertility of Soils**, v. 49, n. 8, p. 1085–1096, 2013.

HIROTA, M. et al. Global resilience of Tropical Forest and Savanna to critical transitions. **Science**, v. 334, p. 232–235, 2011.

HOAGLAND, D. R.; ARNON, D. I. **The water-culture method for growing plants without Soil**. 2nd. ed. California Agricultural Experiment Station, 1950.

JARSTFER, A. G.; SYLVIA, D. M. Inoculum production and inoculation strategies for vesicular e arbuscular mycorrhizal fungi. In: METTING, F. B. (Ed.). **Soil Microbial Ecology: Applications in Agricultural and Environmental Management**. New York,: Marcel Dekker, Inc., 1992. p. 349 e 377.

JENKINS, W. A rapid centrifugal-flotation technique for separating nematodes from soil. **Plant Disease Reporter**, v. 48, n. 13, p. 692, 1964.

JOHNSON, J.-M. et al. Diversity patterns of indigenous arbuscular mycorrhizal fungi associated with rhizosphere of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) in Benin, West Africa. **Pedobiologia**, v. 56, n. 3, p. 121–128, 2013.

KHAKPOUR, O.; KHARA, J. Spore density and root colonization by arbuscular mycorrhizal fungi in some species in the northwest of Iran. **International Research Journal of Applied and Basic Sciences**, v. 3, n. 5, p. 977–982, 2012.

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.

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.

- KOWALCHUK, G. A.; DE SOUZA, F. A.; VANVEEN, J. A. Community analysis of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Ammophila arenaria* in Dutch coastal sand dunes. **Molecular Ecology**, v. 11, n. 3, p. 571–581, 2002.
- KRUSKAL, J. B. Nonmetric multidimensional scaling: method. **Psychometrika**, v. 29, n. 2, p. 115–129, 1964.
- LANFRANCO, L. et al. A combined morphological and molecular approach to characterize isolates of arbuscular mycorrhizal fungi in *Gigaspora* (Glomales). **New Phytologist**, v. 152, n. 1, p. 169–179, 2001.
- LEAL, I. R. et al. Changing the course of biodiversity conservation in the Caatinga of Northeastern Brazil. **Conservation Biology**, v. 19, n. 3, p. 701–706, 2005.
- LEAL, L. C.; ANDERSEN, A. N.; LEAL, I. R. Anthropogenic disturbance reduces seed-dispersal services for myrmecochorous plants in the Brazilian Caatinga. **Oecologia**, v. 174, n. 1, p. 173–181, 2014.
- 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.
- LIMA, R. L. F. DE A.; SALCEDO, I. H.; FRAGA, V. DA S. Propágulos de fungos micorrízicos arbusculares em solos deficientes em fósforo sob diferentes usos, da região semi-árida no nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Ciencia do Solo**, n. 31, p. 257–268, 2007.
- LÔBO, D. et al. Forest fragmentation drives Atlantic forest of northeastern Brazil to biotic homogenization. **Diversity and Distributions**, v. 17, n. 2, p. 287–296, 2011.
- LUMINI, E. et al. Disclosing arbuscular mycorrhizal fungal biodiversity in soil through a land-use gradient using a pyrosequencing approach. **Environmental Microbiology**, v. 12, n. 8, p. 2165–2179, 2010.
- MAGOČ, T.; SALZBERG, S. L. FLASH: Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. **Bioinformatics**, v. 27, n. 21, p. 2957–2963, 2011.
- MAIA-SILVA, C. et al. **Guia de plantas visitadas por abelhas na Caatinga**. 1. ed. Fortaleza, CE: Editora Fundação Brasil Cidadão, 2012.
- MAIA, L. C. et al. Fungos micorrízicos arbusculares no bioma Caatinga. **Micorrizas: 30 anos de pesquisas no Brasil**, p. 311–339, 2010.
- MAIA, L. C. et al. Diversity of brazilian fungi. **Rodriguesia**, v. 66, n. 4, p. 1033–1045, 2015.
- MAIA, L.; YANO-MELO, A.; GOTO, B. Filo Glomeromycota. In: GUSMÃO, L.; MAIA, L. (Eds.). **Diversidade e caracterização dos fundos do semi-árido. Série Instituto milênio do semi-árido**. Recife: Associação Plantas do Nordeste e MCT., 2006. p. 109–126.
- 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.

MARINHO, F. **Padrão de distribuição de fungos micorrízicos arbusculares e atividade microbiana do solo no Parque Nacional do Catimbau-PE**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, 2014.

MARTÍNEZ-GARCÍA, L. Micorrizas arbusculares en ecosistemas semiáridos. Respuesta a factores de estrés ambiental. **Ecosistemas**, v. 20, n. 2, p. 117–120, 2011.

MARTÍNEZ, L. B.; PUGNAIRE, F. I. Interacciones entre las comunidades de hongos formadores de micorrizas arbusculares y de plantas. Algunos ejemplos en los ecosistemas semiáridos. **Ecosistemas**, v. 18, n. 2, p. 44–54, 2009.

MARTORELL, C.; PETERS, E. M. The measurement of chronic disturbance and its effects on the threatened cactus *Mammillaria pectinifera*. **Biological Conservation**, v. 124, n. 2, p. 199–207, 2005.

MARTORELL, C.; PETERS, E. M. Disturbance-response analysis: a method for rapid assessment of the threat to species in disturbed areas. **Conservation Biology**, v. 23, n. 2, p. 377–387, 2009.

MCCUNE, B.; MEFFORD, M. J. **PC-ORD. Multivariate Analysis of Ecological Data**. Version 6. ed. [s.l.] MjM Software, Gleneden Beach, Oregon, U.S.A., 2011.

MEDEIROS, S. DE S. et al. **Sinópsse do censo demográfico para o semiárido brasileiro**. Instituto Nacional do Semiárido (INSA), 2012.

MEHTA, V. K. et al. Ecosystem impacts of disturbance in a dry tropical forest in southern India. **Ecohydrology**, v. 1, p. 149–160, 2008.

MELLO, C. M. A. et al. *Paraglomus pernambucanum* sp. nov. and *Paraglomus bolivianum* comb. nov., and biogeographic distribution of *Paraglomus* and *Pacispora*. **Journal of Applied Botany and Food Quality**, v. 86, p. 113–125, 2013.

MELLO, C. M. A. DE. **Fungos micorrízicos arbusculares no núcleo de desertificação de Cabrobó-PE**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, 2011.

MELLO, C. M. A. DE et al. Diversidade de fungos micorrízicos arbusculares em área de Caatinga, PE, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 26, n. 4, p. 938–943, 2012.

MENEZES, K. M. S. et al. Arbuscular mycorrhizal fungal communities in buffelgrass pasture under intercropping and shading systems in Brazilian semiarid conditions. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 230, p. 55–67, 2016.

MENEZES, R. S. C. et al. Biogeochemical cycling in terrestrial ecosystems of the Caatinga Biome. **Brazilian Journal of Biology**, v. 72, n. 3 Suppl, p. 643–53, ago. 2012.

MERGULHÃO, A. C. D. E. S. et al. Characterisation and identification of arbuscular mycorrhizal fungi species by PCR/RFLP analysis of the rDNA internal transcribed spacer (ITS). **Annals of Microbiology**, v. 58, n. 2, p. 341–344, 2008.

MERGULHÃO, A. C. D. E. S. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a gypsum mining impacted semiarid area. **Acta Botanica Brasilica**, v. 24, n. 4, p. 1052–1061, 2010.

MERGULHÃO, A. C. DO E. S. et al. Potencial de infectividade de fungos micorrízicos arbusculares em áreas nativas e impactadas por mineração gesseira no semi-árido brasileiro. **Hoehnea**, v. 34, n. 3, p. 341–348, 2007.

MERGULHÃO, A. C. DO E. S. et al. Hospedeiros e ciclos sucessivos de multiplicação afetam a detecção de fungos micorrízicos arbusculares em áreas host and successive cycles of multiplication affect the detection of arbuscular mycorrhizal fungi in gypsum mining impacted areas. **Árvore**, 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. **Hoehnea**, v. 41, n. 3, p. 393–400, 2014.

MMA. **Versão preliminar do guia de boas práticas de extrativismo sustentável da umburana-de-cambão (*Commiphora leptophloeos*)**. Ministério do meio ambiente; Secretaria de biodiversidade e florestas; Diretoria de conservação de biodiversidade, 2012.

MMA. **Ministério do Meio Ambinete. Caatinga**. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/biomas/caatinga>>. Acesso em: 26 jan. 2017.

MONTAÑO, N. M. et al. Research on arbuscular mycorrhizae in Mexico: an historical synthesis and future prospects. **Symbiosis**, v. 57, n. 3, p. 111–126, 2012.

MORO, M. F. et al. A phytogeographical metaanalysis of the semiarid Caatinga Domain in Brazil. **Botanical Review**, v. 82, n. 2, p. 91–148, 2016.

MORTON, J. B. Problems and solutions for the integration of glomalean taxonomy, systematic biology, and the study of endomycorrhizal phenomena. **Mycorrhiza**, n. 2, p. 97–109, 1993.

MORTON, J. B.; BENNY, G. L. Revised classification of arbuscular mycorrhizal fungi (Zygomycetes): a new order, Glomales, two new suborders, Glomineae and Gigasporineae, and two new families, Acaulosporaceae and Gigasporaceae, with an emendation of Glomaceae. **Mycotaxon**, v. 37, p. 471–491, 1990.

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. Impact of long-term conventional and organic farming on the diversity of arbuscular mycorrhizal fungi. **Oecologia**, v. 138, n. 4, p. 574–583, 2004.

OEHL, F. et al. Distinct sporulation dynamics of arbuscular mycorrhizal fungal communities from different agroecosystems in long-term microcosms. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 134, n. 3–4, p. 257–268, 2009.

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, 2011.

OEHL, F. et al. *Palaeospora spainii*, a new arbuscular mycorrhizal fungus from Swiss agricultural soils. **Nova Hedwigia**, v. 101, p. 89–102, 2015.

OLIVEIRA, F. M. P. DE. **Influência de perturbações antrópicas sobre a composição de espécies e de grupos funcionais de formigas (Hymenoptera: Formicidae) na Caatinga**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, 2011.

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, n. August 2013, p. 135–147, 2014.

ÖPIK, M.; PEAY, K. G. Mycorrhizal diversity: Diversity of host plants, symbiotic fungi and relationships. **Fungal Ecology**, v. 24, p. 103–105, 2016.

PAGANO, M. C.; SCOTTI, M. R.; CABELLO, M. N. Mycorrhizas, an important component in semiarid sites. **Mycorrhiza: Occurrence in Natural and Restored Environments**, n. January, 2011.

PAGANO, M. C.; ZANDEVALLI, 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, n. May, p. 37–46, 2013.

PANWAR, J.; TARAFDAR, J. C. Arbuscular mycorrhizal fungal dynamics under *Mitragyna parvifolia* (Roxb.) Korth. in Thar Desert. **Applied Soil Ecology**, v. 34, n. 2–3, p. 200–208, 2006.

PELD CATIMBAU/CNPQ. **Projeto ecológico de longa duração sítio Parque Nacional do Catimbau**. Disponível em: <<https://www.peldcatimbau.org/projeto>>. Acesso em: 19 abr. 2017.

PENG, S.; GUO, T.; LIU, G. The effects of arbuscular mycorrhizal hyphal networks on soil aggregations of purple soil in southwest China. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 57, p. 411–417, 2013.

- PEREIRA, C. M. R. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in Atlantic forest areas under different land uses. **Agriculture, Ecosystems and 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.
- PHILLIPS, J. M.; HAYMAN, D. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular arbuscular fungi for rapid assessment of infection. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 55, n. 1, p. 158–161, 1974.
- PICONE, C. Diversity and abundance of arbuscular-mycorrhizal fungus spores in Tropical Forest and Pasture. **Biotropica**, v. 32, n. 4a, p. 734–750, 2000.
- PIELOU, E. C. **Ecological diversity**. New York: Wiley, 1975.
- PIVATO, B. et al. Medicago species affect the community composition of arbuscular mycorrhizal fungi associated with roots. **New Phytologist**, v. 176, n. 1, p. 197–210, 2007.
- PONTES, J. S. DE et al. *Scutellospora alterata*, a new gigasporalean species from the semi-arid Caatinga biome in Northeastern Brazil. **Mycotaxon**, v. 125, p. 169–181, 2013.
- PONTES, J. S. DE. **Diversidade de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) em solo cultivado com feijão Caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] e fibra de coco**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, 2013.
- PURIN, S.; KLAUBERG FILHO, O.; STÜRMER, S. L. Mycorrhizae activity and diversity in conventional and organic apple orchards from Brazil. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 38, p. 1831–1839, 2006.
- REDECKER, D.; HIJRI, I.; WIEMKEN, A. Molecular identification of arbuscular mycorrhizal fungi in roots: perspectives e problems. **Folia Geobotanica**, n. 38, p. 113–124, 2003.
- REQUENA, N.; JEFFRIES, P.; BAREA, J. M. Assessment of natural mycorrhizal potential in a desertified semiarid ecosystem. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 62, n. 3, p. 842–847, 1996.
- RIBEIRO-NETO, J. D. et al. Chronic anthropogenic disturbance causes homogenization of plant and ant communities in the Brazilian Caatinga. **Biodiversity and Conservation**, v. 25, n. 5, p. 943–956, 2016.
- RIBEIRO, E. M. S. et al. Chronic anthropogenic disturbance drives the biological impoverishment of the Brazilian Caatinga vegetation. **Journal of Applied Ecology**, v. 52, n. 3, p. 611–620, 2015.
- RILLIG, M. C. et al. Large contribution of arbuscular mycorrhizal fungi to soil carbon pools in tropical forest soils. **Plant and Soil**, v. 233, n. 2, p. 167–177, 2001.

RITO, K. F. et al. Precipitation mediates the effect of human disturbance on the Brazilian Caatinga vegetation. **Journal of Ecology**, p. 1–11, 2016.

RODRÍGUEZ-ECHEVERRÍA, S. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi communities from tropical Africa reveal strong ecological structure. **New Phytologist**, n. 213, p. 380–390, 2017.

ROQUE, A. A.; ROCHA, R. M.; LOIOLA, M. I. B. Uso e diversidade de plantas medicinais da Caatinga na comunidade rural de Laginhas, município de Caicó, Rio Grande do Norte (nordeste do Brasil). **Revista Brasileira de Plantas Medicinais**, v. 12, n. 1, p. 31–42, 2010.

SAGAR, R.; RAGHUBANSHI, A. S.; SINGH, J. S. Tree species composition, dispersion and diversity along a disturbance gradient in a dry tropical forest region of India. **Forest Ecology and Management**, v. 186, n. 1–3, p. 61–71, 2003.

SAGRERO, A. T. **Presencia de hongos micorrízicos arbusculares en plantas silvestres de suelos salino en el Estado de Colima**. Dissertação. Universidad de Colima, 2002.

SALVIOLI, A.; BONFANTE, P. Systems biology and “ omics” tools: a cooperation for next-generation mycorrhizal studies. **Plant Science**, v. 203–204, p. 107–114, 2013.

SAMPAIO, E. Caracterização do bioma Caatinga: características e potencialidades. In: GARIGLIO, M. et al. (Eds.). **Uso sustentável e conservação dos recursos florestais da Caatinga**. Brasília, DF: Serviço Florestal Brasileiro, 2010. p. 35–63.

SCHENCK, N. C.; PÉREZ, Y. **Manual for the identification of VA mycorrhizal fungi**. 3^o ed. Gainesville: Synergistic Publ., 1990.

SCHNOOR, T. K. et al. Mechanical soil disturbance as a determinant of arbuscular mycorrhizal fungal communities in semi-natural grassland. **Mycorrhiza**, v. 21, n. 3, p. 211–220, 2011.

SCHÜBLER, A.; SCHWARZOTT, D.; WALKER, C. A new fungal phylum, the Glomeromycota: phylogeny and evolution. **Mycological Research**, v. 105, n. 12, p. 1413–1421, 2001.

SENA, A. G. DE et al. Parque Nacional Do Catimbau- PE: um laboratório para aulas práticas de geomorfologia. **Revista Geonorte**, v. 2, n. 4, p. 599–606, 2012.

SHANNON, C. E.; WEAVER, W. **The mathematical theory of communication**. Urbana and Chicago: University of Illinois Press, 1949.

SIKES, B. A.; COTTENIE, K.; KLIRONOMOS, J. N. Plant and fungal identity determines pathogen protection of plant roots by arbuscular mycorrhizas. **Journal of Ecology**, v. 97, n. 6, p. 1274–1280, 2009.

SILVA-JUNIOR, E. D. **Levantamento do potencial geoturístico do Parque Nacional do Catimbau – PE como subsídio para criação de um futuro geoparque**. Dissertação. Universidade Federal de Pernambuco, 2013.

SILVA, F. A. et al. Determination of Hg in water by CVAAS using 2-aminothiazole modified silica. **Ecletica Quimica**, v. 30, n. 3, p. 47–55, 2005.

SILVA, F. DE A. S. E S.; AZEVEDO, C. A. V. DE A. The Assistat Software Version 7.7 and its use in the analysis of experimental data. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 39, p. 3733–3740, 2016.

SILVA, S. Árvores nativas do Brasil. v.1, São Paulo: Editora Europa. 2013 Disponível em <<https://books.google.com.br/books?isbn=8579601886>>. Acessado em 26 de abril de 2015

SILVA, D. K. A. DA et al. *Scutellospora pernambucana*, a new fungal species in the Glomeromycetes with a diagnostic germination orb. **Mycotaxon**, v. 106, n. December, p. 361–370, 2008.

SILVA, D. K. A. DA 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, 2015.

SILVA, F. C. DA et al. Análises químicas para avaliação da fertilidade do solo: métodos usados na Embrapa Solos. **EMBRAPA**, p. 44, 1998.

SILVA, G. A. DA. **Potencial de infectividade de fungos micorrízicos arbusculares oriundos de área de caatinga nativa e degradada por mineração**. Tese. Universidade Federal de Pernambuco, 2000.

SILVA, G. A. DA et al. Potencial de infectividade de fungos micorrízicos arbusculares oriundos de área de caatinga nativa e degradada por mineração, no Estado da Bahia, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 24, n. 2, p. 135–143, 2001.

SILVA, I. R. DA et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi along an environmental gradient in the Brazilian semiarid. **Applied Soil Ecology**, v. 84, p. 166–175, 2014.

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

SINGH, B. K. et al. Microorganisms and climate change: terrestrial feedbacks and mitigation options. **Nature Reviews Microbiology**, v. 8, n. 11, p. 779–790, 2010.

SINGH, S. P. Chronic disturbance, a principal cause of environmental degradation in developing countries. **Foundation for Environmental Conservation**, v. 25, n. 1, p. 1–2, 1998.

SMITH, S. E.; SMITH, F. A. Fresh perspectives on the roles of arbuscular mycorrhizal fungi in plant nutrition and growth. **Mycologia**, v. 104, n. 1, p. 1–13, 2012.

SMITH, S.; READ, D. **Mycorrhizal symbiosis**. 3th ed. San Diego: Academic Press, 2008.

- SOKA, G.; RITCHIE, M. Arbuscular mycorrhizal symbiosis and ecosystem processes: prospects for future research in tropical soils. **Open Journal of Ecology**, v. 4, n. 1, p. 11–22, 2014.
- SOTERAS, F. et al. Arbuscular mycorrhizal fungal composition in high montane forests with different disturbance histories in central Argentina. **Applied Soil Ecology**, v. 85, n. September 2014, p. 30–37, 2015.
- SOUSA, C. DA S. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in successional stages of Caatinga in the semi-arid region of Brazil. **Ciência Florestal**, v. 24, n. 1, p. 137–148, 2014.
- SOUZA, R. G. et al. Diversidade e potencial de infectividade de fungos micorrízicos arbusculares em área de caatinga, na Região de Xingó, Estado de Alagoas, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 26, n. 1, p. 49–60, 2003.
- SPATAFORA, J. W. et al. A phylum-level phylogenetic classification of zygomycete fungi based on genome-scale data. **Mycologia**, v. 108, n. 5, p. 1028–1046, 2016.
- STUKENBROCK, E. H.; ROSENDAHL, S. Distribution of dominant arbuscular mycorrhizal fungi among five plant species in undisturbed vegetation of a coastal grassland. **Mycorrhiza**, v. 15, n. 7, p. 497–503, 2005.
- TABARELLI, M. et al. **PELD-CNPq: dez Anos do Programa de Pesquisas Ecológicas de Longa Duração no Brasil: Achados, Lições e Perspectivas**. Recife: Ed. Universitária da UFPE, 2013.
- TABARELLI, M.; PINTO, S. R.; LEAL, I. R. Floresta Atlântica Nordestina - Fragmentação, degeneração e perda de biodiversidade. **Ciência Hoje**, v. 44, n. 263, p. 36–41, 2009.
- TEIXEIRA-RIOS, T. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in a semi-arid, limestone mining-impacted area of Brazil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 27, n. 4, p. 688–693, 2013.
- TIAN, H. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in degraded typical steppe of inner Mongolia. **Land Degradation and Development**, n. 20, p. 41–54, 2009.
- TORRECILLAS, E.; ALGUACIL, M. M.; ROLDÁN, A. Host preferences of arbuscular mycorrhizal fungi colonizing annual herbaceous plant species in semiarid mediterranean prairies. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 78, n. 17, p. 6180–6186, 2012.
- TREJO, D.; BAROIS, I.; SANGABRIEL-CONDE, W. Disturbance and land use effect on functional diversity of the arbuscular mycorrhizal fungi. **Agroforestry Systems**, v. 90, n. 2, p. 265–279, 2016.
- TRESEDER, K. K.; CROSS, A. Global distributions of arbuscular mycorrhizal fungi. **Ecosystems**, v. 9, n. 2, p. 305–316, 2006.
- 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.

URCELAY, C. et al. Mycorrhizal community resilience in response to experimental plant functional type removals in a woody ecosystem. **Journal of Ecology**, v. 97, p. 1291–1301, 2009.

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.

VAN GEEL, M. **Diversity, community composition and function of arbuscular mycorrhizal fungi in agricultural ecosystems**. Tese. Faculteit Wetenschappen, K.U.Leuven, 2016.

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.

VASCONCELOS, C. G.; MELO, J. I. M. DE. Flora do Parque Nacional do Catimbau, PE, Brasil: Loranthaceae. **Hoehnea**, v. 43, n. 2, p. 317–323, 2016.

VERBRUGGEN, E.; TOBY KIERS, E. Evolutionary ecology of mycorrhizal functional diversity in agricultural systems. **Evolutionary Applications**, v. 3, n. 5–6, p. 547–560, 2010.

WHITCOMB, S.; STUTZ, J. C. Assessing diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a local community: role of sampling effort and spatial heterogeneity. **Mycorrhiza**, v. 17, n. 5, p. 429–437, 2007.

WHITE, P. S.; PICKETT, S. T. A. Natural disturbance and patch dynamics: an introduction. In: PICKETT, S. T. A.; WHITE, P. S. (Eds.). **The Ecology of Natural Disturbance and Patch Dynamics**. United Kin ed. Academic Press, Inc, 1985. p. 3–13.

WHITE, T. J. et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M. A. et al. (Eds.). **PCR Protocols: a Guide to Methods and Applications**. Academic Press, Inc, 1990. p. 315–322.

WRIGHT, J. S. Plant diversity in tropical forests: a review of mechanisms of species coexistence. **Oecologia**, v. 130, n. 1, p. 1–14, 2002.

WRIGHT, S. F.; UPADHYAYA, A. A survey of soils for aggregate stability and glomalin , a glycoprotein produced by hyphae of arbuscular mycorrhizal fungi. **Plant and Soil**, n. 198, p. 97–107, 1998.

WURST, S.; GEBHARDT, K.; RILLIG, M. C. Independent effects of arbuscular mycorrhiza and earthworms on plant diversity and newcomer plant establishment. **Journal of Vegetation Science**, v. 22, n. 6, p. 1021–1030, 2011.

XIANG, X. et al. Rapid response of arbuscular mycorrhizal fungal communities to short-term fertilization in an alpine grassland on the Qinghai-Tibet Plateau. **PeerJ**, v. 4, p. 2226, 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. 45134, 2017.

YANG, W. et al. The arbuscular mycorrhizal fungal community response to warming and grazing differs between soil and roots on the Qinghai-Tibetan Plateau. **PLoS ONE**, v. 8, n. 9, p. 1–11, 2013.

ZANGARO, W.; MOREIRA, M. Micorrizas arbusculares nos biomas Floresta Atlântica e Floresta de Araucária. In: SIQUEIRA JO, DE SOUZA FA, CARDOSO EJBN, T. S. (Ed.). **Micorrizas 30 anos de pesquisa no Brasil**. Lavras: UFLA, 2010. p. 279–310.

ZANIN, M.; ALBERNAZ, A. L. M. Impacts of climate change on native landcover: seeking future climatic refuges. **PLoS ONE**, v. 11, n. 9, 2016.

ZHANG, J. et al. Precipitation shapes communities of arbuscular mycorrhizal fungi in Tibetan alpine steppe. **Scientific reports**, v. 6, p. 23488, 2016.

ZHANG, Y.; GUO, L. D.; LIU, R. J. Survey of arbuscular mycorrhizal fungi in deforested and natural forest land in the subtropical region of Dujiangyan, southwest China. **Plant and Soil**, v. 261, n. 1–2, p. 257–263, 2004.

APÊNDICE A - ESPÉCIES DE FMA REGISTRADAS EM ÁREAS DE CAATINGA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Espécie de FMA	Referências
<i>Acaulospora bireticulata</i> F.M. Rothwell & Trappe	12, 14, 16, 25
<i>A. delicata</i> C.Walker, C.M. Pfeiff. & Bloss	8, 13,14,25, 27
<i>A. denticulata</i> Sieverd. & S. Toro	4, 6,13, 14, 27
<i>A. elegans</i> Trappe & Gerd.	6,14
<i>A. excavata</i> Ingleby & C. Walker	4, 6, 7, 8,11, 12, 13,14,15,26, 27
<i>A. herrerae</i> Furrázola, B.T.Goto, G.A.Silva, Sieverd. & Oeh	21
<i>A. foveata</i> Trappe & Janos	3, 6, 7, 11,13,14,15, 27
<i>A. gedanensis</i> Blaszk.	27
<i>A. koskei</i> Blaszk	8,13,14
<i>A. lacunosa</i> J.B. Morton	2, 6,14,22, 27
<i>A. laevis</i> Gerd. & Trappe	6,14, 19, 27
<i>A. longula</i> Spain & N.C. Schenck	2, 3, 4, 11,13,14,15, 19, 22,25,26, 27
<i>A. mellea</i> Spain & N.C. Schenck	5, 6, 7, 13,14,15, 16, 19, 22,25,26, 27
<i>A. minuta</i> Oehl, Tchabi, Hount, Palenz, I.C. Sánchez & G.A. Silva	19, 25
<i>A. morrowiae</i> Spain & N.C. Schenck	3, 6, 8,11, 12, 13,14, 16, 17,22, 25, 27
<i>A. paulinae</i> Blaszk	29
<i>A. reducta</i> Oehl, B.T. Goto & C.M.R. Pereira	28
<i>A. rehmi</i> Sieverd. & S. Toro	2, 6, 7, 8,11,13,14,15
<i>A. rugosa</i> J. B. Morton	11
<i>A. scrobiculata</i> Trappe	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8,11, 12, 13,14,15, 16, 17, 19, 22,23,25, 27
<i>A. sieverdingii</i> Oehl, Sýkorová, Blask.	25, 27
<i>A. spinosa</i> C. Walker & Trappe	3, 6,11, 12, 13,14,25
<i>A. splendida</i> Sieverd., Chaverri & I. Rojas	12, 25
<i>A. tuberculata</i> Janos & Trappe	3, 5, 6, 7, 11,13,14,15, 27
<i>Ambispora appendicula</i> (Spain, Sieverd., N.C. Schenck) C. Walker	3, 4, 7, 8,11, 12, 13,14,15, 19, 23, 27
<i>A. callosa</i> (Siverd) C. Walker, Vestberg & A. Schuessler	12
<i>A. gerdemannii</i> (S.L. Rose, B.A. Daniels & Trappe) C. Walker, Vestberg & A. Schüßler	1, 4, 12, 14, 16
<i>A. leptoticha</i> (N.C. Schenck & T.H. Nicolson) Walker, Vestberg & A. Schüßler	2, 3, 5, 6, 13,14, 15
<i>Archaeospora trappei</i> (R.N. Ames & Linderman) J.B. Morton & D. Redecker	3, 14, 16
<i>Bulbospora minina</i> Oehl, Marinho, B. T. Goto & G. A. Silva	23, 27
<i>Cetraspora gilmorei</i> (Trappe & Gerd.) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	4,13,14, 27

Continuação.

<i>C. pellucida</i> (T.H. Nicolson & N.C. Schenck) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	2, 3, 5, 6, 7, 8,11, 12, 13,14,15,25, 27
<i>Claroideoglomus claroideum</i> (N.C. Schenck & G.S. Sm.) C. Walker & A. Schüßler	3, 14, 19, 24,23, 27
<i>C. etunicatum</i> (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	1, 2, 3, 4, 5, 7, 13,14,15, 19, 22,24,25,23, 27
<i>C. luteum</i> (L.J. Kenn., J.C. Stutz & J.B. Morton)C. Walker & A.Schüssler	19, 27
<i>Corymbiglomus tortuosum</i> (N.C. Schenck et G.S. Sm.) Błaszcz. & Chwat	4,13,14
<i>Dentiscutata biornata</i> (Spain, Sieverd. & S. Toro) Sieverd., F.A. de Souza & Oehl	5, 15, 12, 13,14, 27, 29
<i>D. cerradensis</i> (Spain & J. Miranda) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	6,14, 19, 27
<i>D. colliculosa</i> B.T. Goto & Oehl	13
<i>D. scutata</i> (C. Walker & Dieder.) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	13,14,15, 27
<i>Diversispora eburnea</i> (L.J. Kenn., J.C. Stutz & J.B. Morton) C. Walker & A. Schüßler	16
<i>D. spurca</i> (C.M. Pfeiff., C. Walker & Bloss) C. Walker & A. Schüßler	2,6,13,14
<i>D. versiformes</i> (P. Karst.) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	19
<i>Entrophospora infrequens</i> (I.R. Hall) R.N. Ames & R.W. Schneid.	4, 6, 7, 8,11, 12, 13,14,15,17,22,25,23
<i>Funneliformis geosporum</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	2,13,14
<i>F. halonatum</i> (S.L. Rose & Trappe) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	8,11, 12, 13,14,15
<i>F. monosporus</i> (Gerd. & Trappe) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	14
<i>F. mosseae</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	1, 2, 4, 13,14,15, 19, 22,24,25
<i>Fuscutata heterogama</i> Oehl, F.A. de Souza, L.C. Maia & Sieverd.	2, 6, 7, 11, 12, 13,14,15, 27
<i>F. rubra</i> (Stürmer & J.B. Morton) Oehl, F.A. Souza & Sieverd.	27
<i>F. savannicola</i> (R.A. Herrera & Ferrer) Oehl, F.A. Souza & Sieverding	11, 12, 27
<i>Gigaspora albida</i> N.C. Schenck & G.S. Sm.	2,6, 12, 13,14, 27
<i>G. decipiens</i> I.R. Hall & L.K. Abbott	5, 7, 11, 12, 13,14,17, 19, 25, 27
<i>G. gigantea</i> (T.H. Nicholson & Gerd.) Gerd. & Trappe	6, 11,13,14,15, 19, 25, 27
<i>G. margarita</i> W.N. Becker & I.R. Hall	1, 2, 3, 4, 6, 7, 8,13,14, 15, 19, 25,23, 27
<i>G. ramisporophora</i> Spain, Sieverd. & N.C. Schenck	4,8, 13,14
<i>G. rosea</i> T.H. Nicolson & N.C. Schenck	13,14
<i>Glomus albidum</i> C. Walker & L.H. Rhodes	14
<i>G. ambisporum</i> G.S. Sm. & N.C. Schenck	13,14,15,23, 27
<i>G. arboreense</i> McGee	3, 14
<i>G. brohultii</i> Sieverd. & Herrera	12, 22, 27
<i>G. diaphanum</i> J.B. Morton & C. Walker	3, 14
<i>G. glomerulatum</i> Sieverd.	5, 7, 12, 13,14,15, 19, 25, 27
<i>G. heterosporum</i> G.S. Sm. & N.C. Schenck	3, 14
<i>G. macrocarpum</i> Tul. & C. Tul.	1, 2, 3, 4, 7, 8,13,14,15, 19, 22,25,23, 27
<i>G. microcarpum</i> Tul. & C. Tul	1, 3, 4, 7, 13,14, 19, 22,25, 27
<i>G. multicaule</i> Gerd. & B.K. Bakshi	15

Continuação.

<i>G. nanolumen</i> Koske & Gemma	11
<i>G. pallidum</i> I.R. Hall	13,14,15
<i>G. trufemii</i> B.T.Goto, G.A. Silva & Oehl	19, 27
<i>Intraornatospora intraornata</i> (B.T. Goto & Oehl) B.T. Goto, Oehl & G.A. Silva	10,11,12, 13,17,25, 27
<i>Kuklospora colombiana</i> (Spain & N.C. Schenck) Oehl & Sieverd.	3, 6,8, 12, 13,14,17, 19, 25, 27
<i>K. kentinensis</i> (Wu & Liu) Oehl & Sieverd.	2,4,13,14
<i>Orbispora pernambucana</i> (Oehl, D.K. Silva, N. Freitas, L.C. Maia) Oehl, G.A.Silva & D.K. Silva	6,9,13, 27
<i>O. projecturata</i> (Kramad. & C. Walker) Oehl, G.A. Silva & D.K. Silva	29
<i>Paradentiscutata bahiana</i> Oehl, Magna, B.T. Goto & G.A. Silva	27
<i>P. maritima</i> B.T. Goto, D.K. Silva, Oehl & G.A. Silva	27
<i>Paraglomus albidum</i> (C. Walker & L.H. Rhodes) Oehl, G.A.Silva & Sieverd	1, 4,13
<i>P. bolivianum</i> (Sieverd. & Oehl) Oehl & G.A. Silva	12, 17,22
<i>P. brasilianum</i> (Spain & J. Miranda) J.B. Morton & D. Redecker	13,14
<i>P. occultum</i> (C. Walker) J.B. Morton & D. Redecker	2, 4, 5, 7, 11, 12, 13,14,17, 19, 22
<i>Quatunica erythropus</i> (Koske & C. Walker) F.A. de Souza, Sieverd. & Oehl	6, 7, 13,14
<i>Racocetra castanea</i> (C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	14
<i>R. coralloidea</i> (Trappe, Gerd. & I. Ho) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	3, 6,14, 19, 25, 27
<i>R. fulgida</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	7, 12, 14,22,23, 27
<i>R. gregaria</i> (N.C. Schenck & T.H. Nicolson) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	5, 7, 11, 12, 13, 14, 27
<i>R. persica</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	7, 14
<i>R. undulata</i> T.C. Lin & C.H. Yen	27
<i>R. verrucosa</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	3, 5,11, 12, 13,14,22
<i>R. weresubiae</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. Souza & Sieverd.	2,11, 12, 13,14, 27
<i>Rhizoglomus aggregatum</i> (N.C. Schenck & G.S. Sm.) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	3, 14, 19, 25
<i>R. clarum</i> (T.H. Nicolson & N.C. Schenck) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	1, 3, 5, 13, 14, 19, 27
<i>R. custos</i> (C. Cano & Dalpé) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	24
<i>R. diaphanus</i> (J.B. Morton & C. Walker) C. Walker & A. Schüßler	4,13
<i>R. fasciculatus</i> (Thaxt.) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	8, 12, 27
<i>R. intraradices</i> (N.C. Schenck & G.S. Sm.) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	13,15, 19, 24,25,23, 27
<i>R. invermaium</i> (I.R. Hall) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	1, 3, 4,11,14
<i>R. microaggregatum</i> (Koske, Gemma & P.D. Olexia) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	1, 3, 4, 7, 11,13,14, 27
<i>Sclerocystis clavispora</i> (Trappe) R.T. Almeida & N.C. Schenck	5, 8,11, 12, 13,14,15
<i>S. coremioides</i> Berk. & Broome	5, 11,13,14,15,17, 19, 25, 27
<i>S. rubiforme</i> (Gerd. & Trappe) R.T. Almeida & N.C. Schenck	12
<i>S. sinuosa</i> Gerd. & B.K. Bakshi	1, 2, 4, 5, 11, 12, 13,14,15,17,25, 27
<i>S. taiwanense</i> (C.G. Wu & Z.C. Chen) R.T. Almeida & N.C. Schenck	12
<i>Scutellospora alterata</i> Oehl, J.S. Pontes, Palenz., SánchezCastro & G.A. Silva	20, 27
<i>S. aurigloba</i> (I.R. Hall) C.Walker & F.E. Sanders	6, 8, 12, 13,14,15,23

Continuação.

<i>S. calospora</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & F.E. Sanders	6, 8, 12, 13,14,15, 27
<i>S. dipurpurens</i> J.B. Morton & Koske	8,13,14
<i>Septoglomus constrictum</i> (Trappe) Sieverding, G.A. Silva & Oehl	14, 19, 25
<i>S. deserticola</i> (Trappe, Bloss & J.A. Menge) G.A. Silva, Oehl & Sieverd.	14
<i>S. titan</i> B.T. Goto & G.A. Silva	18
<i>Simiglomus hoi</i> (S.M. Berch & Trappe) G.A. Silva, Oehl & Sieverd.	24

Fonte: 1. SILVA, 2000; 2. SOUZA et al., 2003; 3. AGUIAR, 2004; 4. SILVA et al., 2005; 5. GATTAI, 2006; 6. MAIA; YANO-MELO; GOTO, 2006; 7. DA SILVA et al., 2007; 8. ALBUQUERQUE, 2008; 9. SILVA et al., 2008; 10. GOTO et al., 2009; 11. FERREIRA, 2010; 12. MELLO, 2011; 13. GOTO et al., 2010b; 14. MAIA et al., 2010; 15. MERGULHÃO et al., 2010; 16. CARNEIRO et al., 2012; 17. MELLO et al., 2012; 18. GOTO et al., 2013; 19. PONTES, 2013; 20. PONTES et al., 2013; 21. FURRAZOLA et al., 2013; 22. TEIXEIRA-RIOS et al., 2013; 23. MARINHO et al., 2014; 24. MERGULHÃO et al., 2014; 25. SILVA et al., 2014; 26. SOUSA et al., 2014; 27. MARINHO, 2014; 28. PEREIRA et al., 2015; 29. DANTAS et al., 2015.

APÊNDICE B – ESPÉCIES DE PLANTAS EM ÁREAS SEM E COM NÍVEIS CRESCENTES DE PERTURBAÇÃO NO PARNA DO CATIMBAU

Espécies de plantas em áreas sem e com níveis crescentes de perturbação (NP-Controle - sem perturbação; PINT – perturbação intermediária; PELV – perturbação elevada) no Parque Nacional do Catimbau, no semiárido brasileiro.

Famílias e Espécies	NP-Controle	PINT	PELV
Anacardiaceae			
<i>Anacardium occidentale</i> L.			X
<i>Spondias tuberosa</i> Arruda	X		
Annonaceae			
<i>Annona leptopetala</i> (R.E.Fr.) H.Rainer	X	X	X
Apocynaceae			
<i>Aspidosperma</i> sp.	X		
Arecaceae			
<i>Syagrus coronata</i> Becc.	X		X
Asteraceae			
<i>Gochnatia oligocephala</i> (Gardner) Cabrera			X
Bignoniaceae			
<i>Anemopaegma leave</i> DC.	X		
Boraginaceae			
<i>Cordia curassavica</i> Roem. & Schult.			X
<i>Cordia trichotoma</i> (Vell.) Steud.		X	
<i>Tournefortia rubriflora</i>	X		
<i>Varronia globosa</i> Jacq.	X	X	
<i>Varronia leucocephala</i> (Moric.) J.S.Mill.	X		X
Burseraceae			
<i>Commiphora leptophloeos</i> (Mart.) J.B. Gillet	X	X	X
Cactaceae			
<i>Cereus jamacaru</i> DC.		X	
<i>Pilosocereus gounellei</i> (F.A.C.Weber ex K.Schum.) Byles & G.D.Rowley		X	
<i>Pilosocereus pachycladus</i> F.Ritter		X	X
<i>Pilosocereus tuberculatus</i> (Werderm.) Byles & G.D.Rowley	X	X	X
<i>Tacinga palmadora</i> (Britton & Rose) N.P.Taylor & Stuppy	X	X	X
Capparaceae			
<i>Cynophalla flexuosa</i> J.Presl	X	X	
<i>Cynophalla hastata</i> J.Presl	X		
<i>Neocalyptocalyx longifolium</i> (Mart.) Cornejo & Iltis	X	X	X
Celastraceae			
<i>Maytenus rigida</i> Mart.	X		
Convolvulaceae			
<i>Evolvulus linoides</i> Moric			X
Erythroxylaceae			
<i>Erythroxylum revolutum</i> Mart.	X	X	
<i>Erythroxylum suberosum</i> A.St.-Hil.			X
Euphorbiaceae			
<i>Acalypha brasiliensis</i> Müll.Arg.	X		
<i>Cnidoscolus bahianus</i> (Ule) Pax & K.Hoffm.			X
<i>Cnidoscolus obtusifolius</i> Pohl ex Baill.	X	X	X
<i>Croton blanchetianus</i> Baill.	X	X	X
<i>Croton grewioides</i> Baill.	X	X	X
<i>Croton heliotropiifolius</i> Kunth	X	X	
<i>Croton nepetifolius</i> Baill.		X	X
<i>Croton tricolor</i> Klotzsch ex Baill.	X		
<i>Ditaxis desertorum</i> Pax & K.Hoffm.	X		
<i>Jatropha molíssima</i> Baill.		X	
<i>Jatropha mutabilis</i> Baill.	X	X	X

Continuação.

<i>Jatropha ribifolia</i> Baill		X	
<i>Manihot pseudoglaziovii</i> Pax & K.Hoffm.	X	X	
<i>Sapium glandulosum</i> Druce			X
Fabaceae			
<i>Aeschynomene marginata</i> Benth.			X
<i>Amburana cearenses</i> (Allemão) A.C.Sm.			X
<i>Bauhinia acuruana</i> Moric.		X	X
<i>Calliandra aeschynoménoides</i> Benth.	X	X	X
<i>Chamaecrista zygophylloides</i> (Taub.) H.S.Irwin & Barneby		X	X
<i>Chloroleucon foliolosum</i> (Benth.) G.P.Lewis	X	X	
<i>Dahlstedtia</i> sp.		X	X
<i>Dalbergia cearenses</i> Ducke	X		
<i>Mimosa lewisii</i> Barneby			X
<i>Myroxylon peruiferum</i> L.f.	X		
<i>Peltogyne pauciflora</i> Benth.	X	X	X
<i>Piptadenia stipulacea</i> Ducke	X	X	X
<i>Pityrocarpa moniliformis</i> (Benth.) Luckow & R.W.Jobson	X	X	X
<i>Poincianella microphylla</i> (Mart. ex G.Don) L.P.Queiroz	X	X	X
<i>Senegalia bahiensis</i> (Benth.) Bocage & L.P.Queiroz	X	X	
<i>Senegalia piauiensis</i> (Benth.) Bocage & L.P.Queiroz	X	X	X
<i>Senegalia polyphylla</i> Britton & Rose	X	X	X
<i>Senegalia</i> sp.	X	X	X
<i>Senna rizzinii</i> H.S.Irwin & Barneby	X		
<i>Senna trachypus</i> (Benth.) H.S.Irwin & Barneby	X		
<i>Senna velutina</i> (Vogel) H.S.Irwin & Barneby			X
<i>Tamarindus indica</i> L.	X		
<i>Trischidium molle</i> (Benth.) H.E.Ireland	X	X	X
Lamiaceae			
<i>Hyptis suaveolens</i> (L.) Poit.			X
Loganiaceae			
<i>Strychnos rubiginosa</i> A.D.C.		X	
Malpighiaceae			
<i>Byrsonima gardneriana</i> A.Juss.			X
Malvaceae			
<i>Helicteres velutina</i> K.Schum.			X
<i>Melochia tomentosa</i> L.		X	
Myrtaceae			
<i>Eugenia brejoensis</i> Mazine	X		
<i>Eugenia</i> sp1	X		
<i>Eugenia</i> sp2	X		X
<i>Eugenia stictopetala</i> Mart. ex DC.	X		
<i>Psidium brownianum</i> Nied.	X		X
<i>Psidium oligospermum</i> Mart.	X		X
Nyctaginaceae			
<i>Guapira graciliflora</i> (Mart. ex J.A.Schmidt) Lundell		X	
Passifloraceae			
<i>Turnera cearenses</i> Urb			
Polygonaceae			
<i>Ruprechtia laxiflora</i> Meisn.		X	
Rhamnaceae			
<i>Ziziphus joazeiro</i> Mart.			X
Rutaceae			
<i>Balfourodendron molle</i> (Miq.) Pirani	X		X
<i>Zanthoxylum stelligerum</i> Turcz.	X		
Salicaceae			
<i>Casearia silvestres</i> Eichler			X
Sapindaceae			
<i>Allophylus quercifolius</i> Radlk.		X	

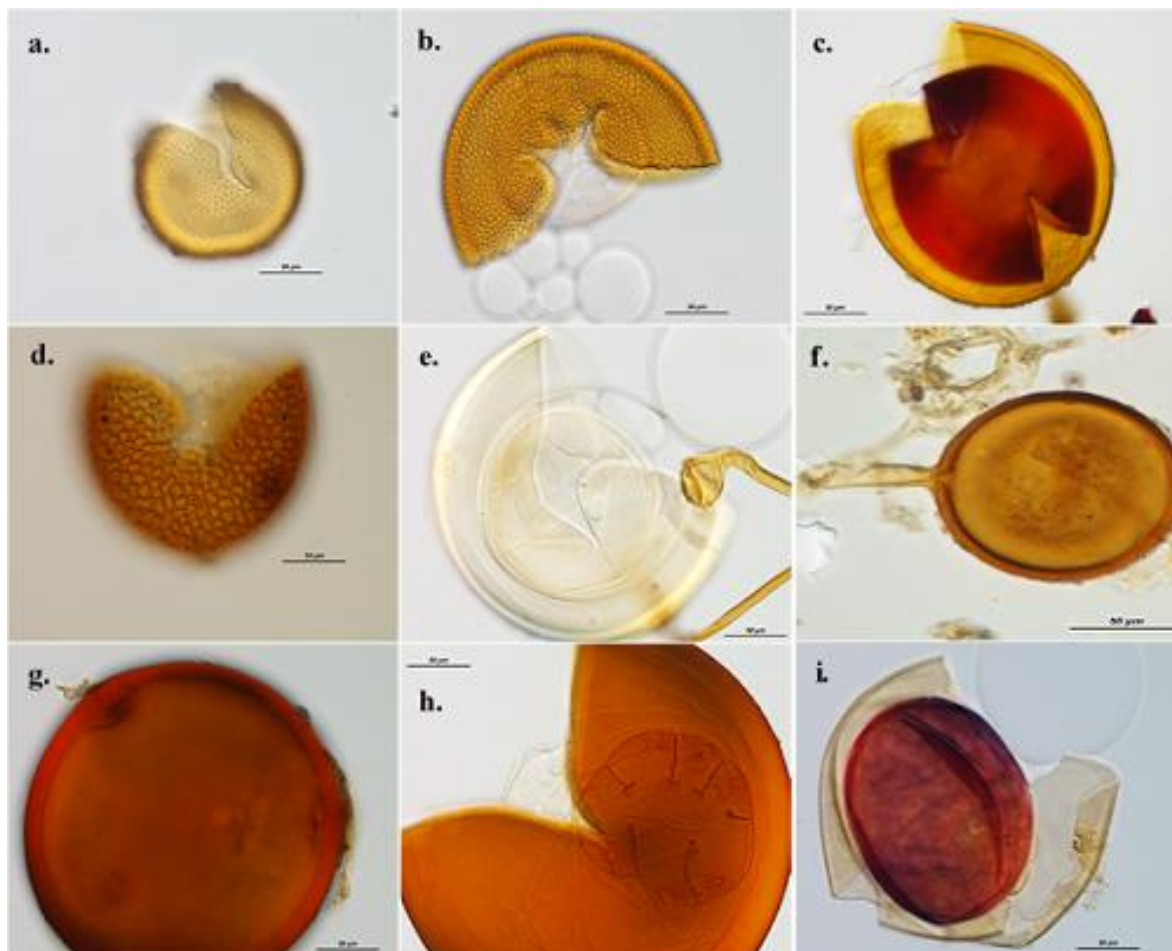
Continuação

Sapotaceae			
<i>Sideroxylon obtusifolium</i> (Roemer & Schultes) T.D.Penn.			X
Sterculiaceae			
<i>Waltheria brachypetala</i> Turcz.		X	X
Verbenaceae			
<i>Lantana camara</i> L.			X
<i>Lippia gracilis</i> Phil.	X		X
<i>Lippia grata</i> Schauer	X		X
Riqueza de espécies	51	41	50

Fonte: Dados fornecidos por pesquisadores do Laboratório de Ecologia Vegetal e Aplicada/UFPE como parte dos estudos de ecologia vegetal do Projeto Ecológico de Longa Duração (PELD).

APÊNDICE C - FOTOMICROGRAFIAS DE GLOMEROSPOROS ENCONTRADOS NO PARQUE NACIONAL DO CATIMBAU FMA

Fotomicrografias de glomerosporos encontrados no Parque Nacional do Catimbau; a. *Acaulopora* sp1, b. *Acaulopora* sp2, c. *Acaulopora* sp3, d. *Acaulopora* sp6, e. *Cetraspora gilmorei*, f. *Funneliformis geosporum*, g. *Glomus* sp3, h. Detalhe de placa germinativa de *Paradentiscutata bahiana*, i. *Scutellospora* sp2.



Fonte: A Autora, 2017