



Universidade de Brasília
Instituto de Ciências Biológicas
Programa de Pós-graduação em Ecologia

Interações entre lenhosas e comunidades de fungos
micorrízicos em uma área de cerrado
sentido restrito no Distrito Federal

Samia Gomes da Silva

Orientadora: Profa. Dra. Mercedes Maria da Cunha Bustamante

Brasília – DF
Julho de 2017



Universidade de Brasília
Instituto de Ciências Biológicas
Programa de Pós-graduação em Ecologia

Interações entre lenhosas e comunidades de fungos
micorrízicos em uma área de cerrado
sentido restrito no Distrito Federal

Samia Gomes da Silva

Orientadora: Profa. Dra. Mercedes Maria da Cunha Bustamante

**Dissertação apresentada ao Programa
de Pós Graduação em Ecologia da
Universidade de Brasília, como
requisito parcial para obtenção do
título de Mestre em Ecologia**

Brasília – DF
Julho de 2017

“(...) chegando na mata ele pediu licença e retirou uma folha da árvore ao lado. Com carinho, ele entregou a folha nas mãos de sua neta e, quando ela menos percebeu, a folha havia se transformado em um livro”.

Um avô muito querido

SUMÁRIO

Agradecimentos	iii
Resumo	iv
Abstract	v
Lista de figuras	vi
Lista de tabelas	xiii
1. Introdução	14
2. Hipóteses	19
3. Objetivos	21
3.1. Objetivo geral	21
3.2. Objetivos específicos.....	21
4. Material e métodos	22
4.1. Área de estudo	22
4.2. Seleção das espécies vegetais e caracterização morfológica dos indivíduos	24
4.3. Coletas de solo e serapilheira	26
4.4. Análise de nutrientes na serapilheira.....	27
4.5. Análises de solo	28
4.6. Análises Estatísticas.....	32
5. Resultados	34
5.1. Caracterização da área de influência dos indivíduos arbóreos.....	34
5.1.1. Estrutura dos indivíduos arbóreos.....	34
5.1.2. Quantidade e qualidade da serapilheira (<i>standing litter</i>)	36
5.1.3. Composição nutricional da serapilheira	40
5.1.4. Composição nutricional do solo	48
5.1.5. Características físico-químicas do solo.....	59
5.2. Atividade microbiológica do solo	62
5.2.1. Biomassa microbiana	62
5.2.2. Atividade enzimática extracelular	63
5.2.3. Estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares sob diferentes espécies vegetais	65
6. Discussão	79
6.1. Zona de influência dos indivíduos arbóreos	79
6.2. Atividade microbiana do solo	82
6.3. Estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares.....	84
7. Considerações finais	89
8. Referências bibliográficas	90

Agradecimentos

À minha orientadora, Mercedes Bustamante, por toda dedicação, compreensão e paciência. Obrigada por ser tão generosa na transmissão dos seus conhecimentos!

À Gina e à Maria, por serem tão prestativas e cuidadosas.

À todos os colegas maravilhosos do Laboratório de Ecossistemas por todo companheirismo, cooperação e pelas boas risadas.

À Cat, Geisi e Daniel por sempre me ajudarem e ainda me darem café.

A todas as pessoas maravilhosas que eu conheci na UnB. Aos amigos do Lab da Zueira, aos meus colegas de graduação e às maravilhosas bioamigas que eu ganhei pra vida.

À minha mãe e minha irmã por serem minha sustentação. Ao meu pai por ser minha inspiração. A toda minha família que mora longe, mas que está sempre perto do meu coração.

Aos meus anjinhos Elba, Ju e Thi thi! Obrigada por existirem na minha vida e por serem tão esquisitos!

Aos gratiamigos Flaviane, Nanoca e Paraca-amor. Amo vocês mais do que cerveja!

À Carina, minha amiga da vida toda, de todas as horas, de todos os multiversos!

À Marise por me adotar como sua filha, mesmo eu sendo sagitariana!

Aos amigos do batuque por dividirem os momentos de descontração. Obrigada Filhas de Oyá por serem as melhores mulheres que eu conheço! Obrigada aos amigos do Comboio por me ensinarem tanto sobre tudo.

À todos os meus amigos que eu amo tanto que chega dói! Não sei o que eu faria sem vocês!

À UnB por me proporcionar tantas experiências maravilhosas.

Ao Instituto de Ciências Biológicas por ser minha segunda casa.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia por me propiciar tanto aprendizado e crescimento.

Ao CNPq, à CAPES e à FAP-DF pelo apoio financeiro indispensável para a realização do projeto.

Ao Universo por me ensinar tantas coisas lindas, cada uma no seu tempo...

Resumo

As relações entre os processos que ocorrem no solo e acima dele são determinantes para o funcionamento dos ecossistemas. O Cerrado abriga uma grande diversidade vegetal, mas pouco se sabe sobre a sua influência na microbiota do solo e como esta interação pode agir sobre os processos ecológicos. Este trabalho teve por objetivo principal investigar as relações entre a riqueza de espécies arbóreas e a microbiota do solo, através da análise da influência de espécies de lenhosas sobre a estrutura da comunidade de fungos micorrízicos arbusculares (FMAs) e sobre a atividade microbiológica do solo em diferentes estações do ano em uma parcela de cerrado sentido restrito na Reserva Ecológica do IBGE, Distrito Federal. Foram escolhidas dez espécies de lenhosas: *Qualea grandiflora*, *Qualea multiflora*, *Dalbergia miscolobium*, *Pterodon pubescens*, *Tachigali vulgaris*, *Roupala montana*, *Caryocar brasiliense*, *Ouratea hexasperma*, *Blepharocalyx salicifolius* e *Myrsine guianensis*; e para cada uma delas, foram marcados dez indivíduos, sendo a área de sua copa utilizada como parâmetro para a determinação de sua zona de influência no solo. Amostras de serapilheira acumulada foram coletadas nas estações secas de 2015 e 2016 para avaliação de sua quantidade e qualidade. As amostras de solo (0 – 10 cm) coletadas nas estações seca de 2015 e chuvosa de 2016, foram avaliadas quanto à composição nutricional, às características físico-químicas, à biomassa microbiana e à atividade enzimática (fosfatase ácida e β -glicosidase). Os perfis das comunidades de FMAs foram obtidos pela técnica de PCR-DGGE. A serapilheira total acumulada sob os diferentes indivíduos arbóreos variou entre as espécies vegetais, assim como a concentração dos macro e micronutrientes medidos nas folhas, sendo que as folhas da espécie alvo, apresentaram menor contribuição do que as folhas de outras espécies vegetais para a composição do estoque de nutrientes nas zonas de influência avaliadas. As concentrações de nutrientes em amostras de solo coletadas sob cada espécie vegetal variaram significativamente entre si, em função das estações do ano comparadas. Os valores de C da biomassa microbiana e de atividade da enzima β -glicosidase não apresentaram diferenças significativas entre as estações do ano, mas diferiram quando amostras coletadas sob a influência de espécie vegetais distintas foram comparadas. Diferentemente, a atividade da enzima fosfatase ácida foi maior na estação seca de 2015, não havendo diferença na atividade entre as amostras coletadas sob cada espécie vegetal. As estruturas das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares avaliadas (Dice/UPGMA) a partir dos perfis DGGE indicaram uma diferenciação das comunidades entre as estações, exceto para as amostras sob influência de *B. salicifolius*, e também entre as espécies vegetais em cada estação. Os resultados obtidos demonstram que as relações entre a vegetação e a microbiota no Cerrado, são influenciadas pelos padrões sazonais da precipitação e que a identidade das espécies vegetais também é um fator preponderante na determinação da atividade microbiana e na estruturação das comunidades de micorrizas arbusculares. O trabalho realizado corrobora a importância da manutenção da diversidade nos sistemas acima do solo, como forma de garantir uma potencial diversidade abaixo do solo, e pode contribuir na elaboração de estratégias de conservação do Cerrado, frente às mudanças ambientais.

Palavras-chave: diversidade microbiana, DGGE, atividade enzimática, heterogeneidade espacial, serapilheira, Brasil Central.

Abstract

The relations between above ground and below ground processes are determinant to the functioning of ecosystems. The Cerrado is home to a great plant diversity. However, we do not know much about its influence on the microbiota of the soil and how such an interaction can affect the ecological processes. The main objective of the present study was to investigate the relations between the diversity of tree species and the microbiota of the soil through the analysis of the influence of woody species on the structure of the community of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) and on the microbiological activity of the soil in different seasons of the year in an area of Cerrado *sensu stricto* in the Ecological Reserve of the IBGE, Distrito Federal, Brazil. Ten woody species were chosen: *Qualea grandiflora*, *Qualea multiflora*, *Dalbergia miscolobium*, *Plerotodon pubescens*, *Tachigali vulgaris*, *Roupala Montana*, *Caryocar brasiliense*, *Ouratea hexasperma*, *Blepharocalyx salicifolius* and *Myrsine guianensis*. For each one of these species, ten trees were selected and their crown area was used as a parameter to determine their zone of influence on the soil. Litter samples were collected during the dry seasons of 2015 and 2016 in order to assess both their quality and quantity. The soil samples (0 – 10) that were collected during the dry season of 2015 and the rainy season of 2016 were analyzed to their nutritional composition, physical and chemical characteristics, microbial biomass and enzymatic activity (acid phosphatase and β -glucosidase). The profiles of the AMF communities were obtained by the PCR-DGGE. The total standing litter under the different tree individuals showed variation considering the vegetal species, and so did the concentration of the macro and micronutrients measured in the leaves. The leaves of the target species did actually contribute less to the composition of the stock of nutrients under its influence zone than the leaves of other plant species. The concentration of nutrients in soil samples collected under the canopy of every plant species varied significantly between seasons. The C of the microbial biomass and the activity of β -glucosidase enzyme did not differ between seasons. However, they were significantly different in samples collected under the influence zone of different plant species. The activity of acid phosphatase was higher in the dry season of the year 2015, with no difference among the species collected under each vegetal species. The analysis of the structures of the communities of AMF that were assessed (Dice/UPGMA) based on DGGE profiles revealed a seasonal differentiation of communities except for the samples under the influence of *B. salicifolius*, as well as between the plant species in each season. The results showed that the relations between the vegetation and soil microbiota in the Cerrado are influenced by the seasonal pattern of rainfall. Moreover, the identity of the plant species also is a relevant factor determining microbial activity and the structuring of the communities of AMF. The present study corroborates the importance of the maintenance of diversity in aboveground systems in order to ensure a potential belowground diversity, and could contribute to the formulation of strategies aiming to preserve the Cerrado in face of environmental changes.

Key words: microbial diversity, DGGE, enzyme activity, special heterogeneity, litter, Central Brazil.

Lista de figuras

- Figura 1.** Dados de temperatura e precipitação coletados na estação meteorológica da RECOR obtidos para os anos de 2015 e 2016 junto ao Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).... 22
- Figura 2.** Distribuição da vegetação na RECOR. A seta preta indica o local escolhido para demarcação da parcela para o estudo. Adaptado de Ribeiro (2011). 23
- Figura 3.** Representação da distribuição espacial dos indivíduos amostrados para cada espécie na parcela demarcada na área de cerrado típico da Reserva Ecológica do IBGE. Os triângulos representam as espécies acumuladoras de alumínio, os círculos as leguminosas e os quadrados as demais espécies..... 25
- Figura 4.** Método para estimativa da zona de influência da copa. Os raios menor (a) e maior (b) foram medidos a partir do centro da copa (vermelho), permitindo o cálculo da área da copa (cinza)..... 26
- Figura 5.** Biomassa vegetal seca das espécies amostradas na Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2015. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $F = 20,84$, $p < 0,05$). Rmt = *R. montana*, Mgn = *M. guianensis*, Qmt = *Q. multiflora*, Ohx = *O. hexasperma*, Dms = *D. miscolobium*, Bsf = *B. salicifolius*, Cbr = *C. brasiliensis*, Qgr = *Q. grandiflora*, Tvg = *T. vulgaris* e Ppb = *P. pubescens*. 34
- Figura 6.** Área das copas calculadas para cada espécie vegetal amostrada na Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2015, apresentadas em ordem crescente. Letras diferentes indicam diferenças significativas (ANOVA, $F = 16,06$, $p < 0,05$). Rmt = *R. montana*, Mgn = *M. guianensis*, Qmt = *Q. multiflora*, Ohx = *O. hexasperma*, Dms = *D. miscolobium*, Bsf = *B. salicifolius*, Cbr = *C. brasiliensis*, Qgr = *Q. grandiflora*, Tvg = *T. vulgaris* e Ppb = *P. pubescens*. 35
- Figura 7.** Relação entre as medidas de área da copa e biomassa vegetal seca estimadas para dez espécies de lenhosas amostradas na Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2015. Os valores de significância foram obtidos com o teste de correlação de Pearson. 36
- Figura 8.** Serapilheira total acumulada na zona de influência de dez espécies lenhosas amostradas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações secas dos anos de 2015 (A) e 2016(B). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies em cada estação (ANOVA, $p < 0,05$). Os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 12,09$, $p < 0,05$). As barras verticais representam o erro padrão das médias ($n = 10$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 37
- Figura 9.** Partição da serapilheira acumulada na zona de influência de dez espécies lenhosas amostradas na Reserva Ecológica do IBGE na estação secas do ano de 2015. São apresentadas a contribuição das frações grossa (galhos, frutos, e fragmentos de material vegetal) e fina (folhas) em A e a partição da serapilheira fina é destacada em B, diferenciando-se folhas da espécie alvo das demais folhas presentes no material coletado (mix). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies quanto à serapilheira fina em A e quanto às folhas da espécie

alvo em B (ANOVA, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*..... 39

Figura 10. Concentrações e valores totais (estoques) de nitrogênio (esquerda) e fósforo (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão (n=10 para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms (n=1), Ppb (n=2) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 42

Figura 11. Concentrações e valores totais (estoques) de potássio (esquerda) e cálcio (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão (n=10 para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms (n=1), Ppb (n=2) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 43

Figura 12. Concentrações e valores totais (estoques) de magnésio (esquerda) e enxofre (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão (n=10 para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms (n=1), Ppb (n=2) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 44

Figura 13. Concentrações e valores totais (estoques) de cobre (esquerda) e ferro (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão (n=10 para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms (n=1), Ppb (n=2) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 45

Figura 14. Concentrações e valores totais (estoques) de manganês (esquerda) e zinco (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 46

Figura 15. Concentrações e valores totais (estoques) de boro encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 47

Figura 16. Concentrações de fósforo, fósforo remanescente (P-Rem) e potássio encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 50

Figura 17. Concentrações de cálcio, magnésio e enxofre encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 51

Figura 18. Medidas de nitrogênio presente na forma de nitrato (A e B), amônio (B e C) e nitrogênio inorgânico total (C e D) para amostras de solo coletadas no intervalo de 0 a 10 cm de profundidade sob a zona de influência de 10 espécies lenhosas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações seca de 2015 (coluna esquerda) e chuva de 2016 (coluna direita). As barras verticais indicam o erro padrão ($n=10$) e os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras de cada espécie na comparação das estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As letras indicam diferenças significativas (ANOVA, $p < 0,05$) entre as espécies em cada

estação, sendo as maiúsculas para seca e as minúsculas para a chuva. As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 53

Figura 19. Concentrações de boro, cobre e ferro encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 55

Figura 20. Concentrações de manganês e zinco encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 57

Figura 21. Capacidade de troca catiônica em pH 7,0 (CTC) e concentração de matéria orgânica das nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 58

Figura 22. Teor de umidade obtido para as amostras de solo coletadas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações seca de 2015 e chuvosa de 2016. Os solos foram coletados na zona de influência de 10 espécies lenhosas a uma profundidade de 0 a 10 cm. As barras verticais indicam o desvio padrão das médias ($n=10$) e os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras de cada espécie na comparação das estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 4,57$, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 59

Figura 23. Medidas de pH em H₂O (A) e KCl 1M (B) para as amostras de solo coletadas na zona de influência de 10 espécies vegetais no intervalo de 0 a 10cm de profundidade do solo. As coletadas foram realizadas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações seca de 2015 e chuva de

2016. As cores diferenciam as estações e as barras verticais representam o erro padrão às médias (n=10). Os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras de cada espécie na comparação das estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$), enquanto que as letras indicam diferenças significativas (ANOVA, $p < 0,05$) entre as espécies para os valores obtidos na estação chuvosa. As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*..... 61

Figura 24. Biomassa microbiana presente nas amostras de solo coletadas nas estações seca de 2015 e chuva de 2016 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As barras verticais indicam o erro padrão (n=3). Os asteriscos indicam diferenças significativas (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$) entre as espécies na comparação entre as estações. As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis* 62

Figura 25. Atividade da enzima fosfatase ácida no solo coletado nas estações seca de 2015 (esquerda) e chuva de 2016 (direita) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm dentro da zona de influência de 10 espécies lenhosas na Reserva Ecológica do IBGE. As barras verticais indicam o erro padrão (n=10). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies na estação seca e os indicam diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 6,98$, $p < 0,05$) As espécies foram ordenadas por grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*..... 63

Figura 26. Atividade da enzima β -glicosidase no solo coletado nas estações seca de 2015 (esquerda) e chuva de 2016 (direita) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm dentro da zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As barras verticais indicam o erro padrão (n=10). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies para as duas estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 2,92$, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas por grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. 64

Figura 27. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *Q. grandiflora* (Qgr) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. 65

Figura 28. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *Q. multiflora* (Qmt) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor

azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos..... 66

Figura 29. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *D. miscolobium* (Dms) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. 68

Figura 30. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *P. pubescens* (Ppb) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos..... 69

Figura 31. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *T. vulgaris* (Tvg) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos..... 70

Figura 32. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *R. montana* (Rmt) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos..... 71

Figura 33. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *C. brasiliense* (Cbr) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos..... 72

Figura 34. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *O. hexasperma* (Ohx) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. 73

Figura 35. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *B. salicifolius* (Bsf) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos..... 74

Figura 36. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da

espécie *M. guianensis* (Mgn) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. 75

Figura 37. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência de dez espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras foram coletadas na Reserva Ecológica do IBGE na estação seca de 2015. As cores destacam os principais grupos formados pelo método da distância média não ponderada (UPGMA) a partir da matriz de similaridade criada com base do coeficiente Dice. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para cada espécie, sendo: Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. Os algarismos diferenciam os principais grupos quanto à composição e similaridade (%) entre as amostras: (I)Ppb e Mgn – 58%, (II)Tvg – 73%, (III) Bsf – 77%, (IV) Rmt – 72%, (V) Cbr (75%) e Qmt/Dms (67%) – 62%**Erro! Indicador não definido.**

Figura 38. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência de dez espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras foram coletadas na Reserva Ecológica do IBGE na estação chuva de 2016. As cores destacam os principais grupos formados pelo método da distância média não ponderada (UPGMA) a partir da matriz de similaridade criada com base do coeficiente Dice. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para cada espécie, sendo: Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. Os algarismos diferenciam os principais grupos quanto à composição e similaridade (%) entre as amostras: (I) Tvg – 43%, (II) Cbr – 48%, (III) Bsf/Rmt – 58%, (IV) Dms/Ohx – 59%, (V) Dms/Ohx/Qgr/Qmt/Rmt – 57% e (VI) Dms/Ohx/Qgr/Qmt/Rmt – 52%. 78

Lista de tabelas

Tabela 1. Lista das espécies selecionadas para a realização do estudo. São indicadas as características funcionais consideradas e siglas que serão adotadas no presente trabalho. Fen = Fenologia, Acum. de alumínio = Acumuladora de alumínio, BDC = brevidecídua (perda das folhas por período igual ou inferior a uma mês) DEC= decídua (perda das folhas por período superior a um mês), SVC = sempre-verde com crescimento contínuo, SVS = sempre-verde com crescimento sazonal, FBN = Fixação Biológica de Nitrogênio. Os círculos pretos indicam as características potenciais. A espécie *T. vulgaris* ainda não foi descrita realizando FBN e está indicada com um círculo cinza.
..... 10

1. Introdução

Os fatores que determinam a estruturação e a dinâmica das comunidades vegetais talvez tenham sido os primeiros alvos de questionamento entre os ecólogos e observadores da natureza. A identificação de padrões geográficos, como o clima e altitude, responde a uma parte dessas questões. Contudo, a relação da vegetação com o local em que se insere envolve uma série de processos multifatoriais, a exemplo da disponibilidade de recursos e das interações ecológicas. Com o avanço das pesquisas, um olhar mais acurado sobre as plantas e seus requerimentos funcionais passou a dar enfoque à sua relação com o solo. Assim, foi visto que os compartimentos acima e abaixo do solo, com todos os grupos que compõem sua diversidade, interagem de forma intrincada e dinâmica, determinando os fluxos de matéria e energia entre si (Post *et al.*, 1992; Reynolds *et al.*, 2003). No entanto, pouco se sabia ainda sobre a magnitude do papel do solo na manutenção de processos ecossistêmicos.

O solo é composto por agregados minerais formados por processos de intemperismo, que variam de acordo com condições locais como: a composição da rocha matriz, o regime de chuvas, as mudanças de temperatura e a ocorrência de processos geológicos (Jenny, 1994; Vanwalleghem *et al.*, 2013). Deste modo, os agregados formados variam em organização, composição química e tamanho, determinando a existência de diversos tipos de solo no planeta. Fundamentalmente, as espécies que se utilizam destes substratos devem adaptar-se às suas condições físico-químicas. Todavia, a atividade biológica resulta em modificações no solo, de forma que as características observadas originam-se, na verdade, de uma complexa rede de interações entre os fatores bióticos e abióticos (Brandt *et al.*, 2013; Eisenhauer, 2016). A escala em que estas interações ocorrem é variável de acordo com as características dos organismos estudados e dos processos envolvidos. Para a realização de suas atividades metabólicas, por exemplo, os microrganismos retiram moléculas disponíveis do solo, se deslocam, liberam compostos, depositam matéria orgânica e interagem entre si (Killham, 1995; Moreira e Siqueira, 2002). A complexidade é ainda maior quando se consideram os diferentes nichos ocupados pelos grupos microbianos, que podem estar estratificadas no perfil do solo, ocupar diferentes espaços ao longo da superfície ou interagir de forma direta em um mesmo local (Moore e Ruiters, 1991; Bonfante e Anca, 2010). Com isto, o solo em sistemas naturais pode se tornar um meio essencialmente heterogêneo e dinâmico.

O sistema radicular das plantas atua ativamente na modificação do meio circundante pela retirada seletiva de compostos disponíveis no solo e pela liberação de exsudados com composição química complexa (Raven *et al.*, 2005, Whipps, 2001; Tsunoda e Dam, 2017). Simultaneamente, as plantas interferem na superfície do solo pela liberação e acúmulo de matéria orgânica provinda de seus órgãos aéreos e pela interceptação de precipitação e radiação pelo dossel. A complexidade é ainda maior quando se considera que a arquitetura das raízes pode variar entre as espécies vegetais, e ao longo do seu ciclo de vida, com a concomitante alteração de seus requerimentos funcionais (Liptay e Arevalo, 2000; Bardgett *et al.*, 2014b). Além disso, espécies vegetais pertencentes a diferentes grupos fenológicos interagem com seu ambiente de forma distinta, drenando recursos do solo e provocando o aporte de material vertical de forma diferenciada (em quantidade e composição) com o passar das estações do ano (Weih *et al.*, 2011; Prescott e Grayston, 2013). A soma de todos estes eventos faz com que o solo dentro da zona de influência de cada indivíduo vegetal seja diferente do solo circundante (*bulk soil*) por criar um gradiente de potencial hídrico, acumular solutos, promover a retirada de nutrientes e causar alteração da acidez, podendo também variar em textura e temperatura (Carminati, 2013; Ghezzehei e Albalasmeh, 2015; Sanullah *et al.*, 2016; Yan *et al.*; 2016). Esta zona influenciada pela atividade vegetal é capaz de atrair e/ou selecionar espécies de invertebrados e microrganismos que têm suas atividades favorecidas pelas condições ali encontradas (Berendsen *et al.*, 2012, Urbanová *et al.*, 2015), somando um fator à heterogeneidade espacial em fina escala. Estes organismos podem estabelecer relações estáveis com as plantas ou causar prejuízos ao seu desenvolvimento, em um sistema dinâmico de relações ecológicas. Algumas destas relações podem inclusive trazer consequências para o funcionamento do ecossistema, por favorecer ou dificultar o estabelecimento de espécies vegetais (Bever *et al.*, 2013, Aponte *et al.*, 2013).

Algumas das relações mais bem conhecidas entre vegetais e microrganismos são as associações de raízes com fungos micorrízicos. Esse tipo de associação simbiótica vem sendo descrita como muito importante para o estabelecimento de várias espécies de plantas vasculares, devido aos benefícios resultantes para ambas as partes. De acordo com a estrutura formada com as raízes, as micorrizas podem ser separadas em quatro tipos principais: as micorrizas arbusculares (MA), as ectomicorrizas (EM), as ericóides e as micorrizas que ocorrem em orquídeas (Moreira *et al.*, 2013). Os fungos micorrízicos arbusculares (FMAs) são os mais ubíquos e estima-se que façam

associações com mais de 200.000 espécies vegetais e com cerca de 90% das plantas vasculares (Heijden *et al.*, 2015), totalizando cerca de 240 espécies anotadas até o momento (Lee *et al.*, 2013). Os FMAs conhecidos pertencem ao grupo monofilético Glomeromycota e a importância de sua associação com plantas decorre do fato de estas conferirem a eles proteção contra predação e acesso a fontes de carbono fotoassimilado. Por outro lado, os vegetais se beneficiam na proteção contra patógenos e pelo aumento da capacidade de absorção de água e de nutrientes, notadamente nitrogênio e fósforo. Assim, os fungos representam um dreno de carbono para as plantas, mas compensam essas perdas aumentando a área de absorção via hifas e micélios, que podem atingir o solo fora da zona de depleção da rizosfera (Moreira e Siqueira, 2002). A capacidade de expansão de suas hifas confere um interessante atributo funcional a este grupo de organismos. Além da interação entre FMAs e vegetais, ocorre uma interação das micorrizas entre si pela conexão de suas hifas, o que pode permitir a troca de substâncias e compostos. Esta rede subterrânea formada pela conexão entre fungos foi denominada *wood wide web*, quando a equipe da pesquisadora Sue Simard observou pela primeira vez a troca de assimilados de carbono entre espécies vegetais via fungos (Simard *et al.*, 1997; Churchland e Grayston, 2014; Gorzelak *et al.*, 2015). Todos estes fatores tornam o grupo de FMAs um interessante alvo de estudos que visam compreender melhor a complexidade dessas interações.

Várias espécies de fungos interagem também indiretamente com as plantas devido à sua participação fundamental nos processos de decomposição, notadamente no que diz respeito à matéria orgânica recalcitrante que possui um maior tempo de residência. A atuação destes organismos saprofíticos interfere diretamente no processo de ciclagem de elementos fundamentais como carbono, nitrogênio, fósforo e enxofre, via modificação de compostos por ação enzimática (Boer *et al.*, 2005). Em seu conjunto, a atuação dos fungos nas diversas relações com a vegetação pode interferir na dinâmica dos nutrientes em caráter muito particular e em escala fina (Talbot *et al.*, 2013; Kuzyakov e Blagodatskaya, 2015), resultando numa modificação da disponibilidade de nutrientes em uma escala maior, quando considerados os compartimentos do solo e da serapilheira. A atuação sobre a decomposição se dá também por outros grupos que compõem a macro e a microfauna do solo. O balanço entre a decomposição e a disponibilidade de recursos presentes para estes grupos pode refletir seus requerimentos nutricionais. Por exemplo, em sistemas com limitação de N e P, os materiais com maiores concentrações destes nutrientes, serão potencialmente os primeiros a serem consumidos pela microbiota.

Uma forma interessante de avaliar esta dinâmica é a mensuração da atividade enzimática no solo, já que estas proteínas são produzidas refletindo exatamente as necessidades momentâneas dos grupos microbianos por nutrientes (Burns, 1982; Deng *et al.*, 2013; Traving *et al.*, 2015).

Nas últimas décadas, o avanço de novas tecnologias com base na biologia molecular tem permitido acesso à microbiota do solo, revelando a enorme diversidade microbiológica dos sistemas subterrâneos e sua influência nos ecossistemas naturais (Tiedje *et al.*, 1999; Kirk *et al.*, 2004; Dance, 2008, Lee *et al.*, 2013; Berg *et al.*, 2017). O interesse por este compartimento resultou em um número crescente de trabalhos, notadamente nas últimas duas décadas (Bardgett *et al.*, 2014a), que revelaram a contribuição da microbiota dos solos para aspectos tão importantes quanto a ciclagem de nutrientes (Leff *et al.*, 2015; Nielsen *et al.*, 2011), diversidade da vegetação (Bonkowski e Roy, 2005; Heijden *et al.*, 2009) e a funcionalidade dos sistemas (Wagg *et al.*, 2014; Bradford *et al.*, 2014). Assim, o ecossistema do solo passa hoje a ser entendido como uma peça fundamental para a compreensão dos processos ecológicos em diversas escalas temporais e espaciais, estando em primeiro plano na discussão de questões de grande importância como a conservação da biodiversidade global e as mudanças ambientais (Wolters *et al.*, 2000; Jing *et al.*, 2015; Xu *et al.*, 2017).

No contexto de entender as relações entre os fluxos e os processos acima e abaixo do solo, o Cerrado se mostra um sistema muito interessante. Este bioma é formado por cerca de 11 fitofisionomias que variam desde formações campestres a formações florestais, (Ribeiro e Walter, 1998). Sua alta biodiversidade, a presença de um grande número de espécies endêmicas e a rápida perda de habitats, decorrente da pressão agrícola e da expansão urbana, fazem com que o Cerrado seja considerado um dos *hotspots* mundiais de biodiversidade (Myers *et al.*, 2000; Marchese, 2015). Essa grande riqueza de espécies, interessantemente, se desenvolve em uma região onde predominam solos distróficos muito antigos e intemperizados, caracterizados por pHs baixos e pela limitação nutricional (Sousa e Lobato, 2002). Além disso, o regime sazonal da região é marcado por duas estações contrastantes: um inverno seco e um verão com altos índices de precipitação. Assim, os organismos que compõem este sistema são adaptados a essas condições ambientais, desenvolvendo uma série de estratégias para a captação de recursos e manutenção metabólica.

Com isto, atualmente vários trabalhos vêm sendo realizados na tentativa de caracterizar os grupos de microrganismos presentes no Cerrado como as bactérias

(Quirino *et al.*, 2009; Mendes *et al.*, 2012; Silva, 2012; Castro *et al.*, 2013; Catão *et al.*, 2014), os representantes do domínio Archaea (Catão *et al.*, 2013, Rodrigues *et al.*, 2014; Sousa, 2015) e também os fungos (Correia, 2002; Sales, 2003; Castro *et al.*, 2008; Bresolin *et al.*, 2010, Souza *et al.*, 2011; Mendéz, 2016; Maia *et al.*, 2017) em diversas fitofisionomias e em áreas influenciadas por diferentes sistemas agrícolas. Estes estudos indicaram a presença de associações micorrízicas em várias espécies de lenhosas do Cerrado (Thomazini, 1974; Detmann *et al.*, 2007; Scabora *et al.*, 2010; Mendéz, 2016), sendo estes FMAS pertencentes a 9 gêneros (*Acaulospora*, *Ambispora*, *Gigaspora*, *Cetraspora*, *Dentiscutata*, *Racosetra*, *Scutellospora*, *Glomus* e *Paraglomus*) com 43 espécies descritas (Moreira *et al.*, 2008; Souza *et al.*, 2010). Contudo, pouco se sabe ainda sobre as relações específicas entre a vegetação e estes microrganismos em sistemas naturais.

Os conhecimentos gerados nos últimos anos sobre a importância do solo na multifuncionalidade dos sistemas revelam a importância das relações entre os componentes aéreos e subterrâneos (Eisenhauer, 2016). A perspectiva colocada é de que a atuação dos organismos no solo pode alterar de modo considerável vários processos ecossistêmicos, incluindo a ciclagem de nutrientes, a emissão de gases para a atmosfera e a estocagem de carbono, por exemplo (Bardgett *et al.*, 2014a, Graham *et al.*, 2016; Churchland e Grayston, 2014; Delgado-Baquerizo *et al.*; 2015). A continuidade desses processos é afetada diretamente pela diversidade vegetal acima do solo (Venter *et al.*, 2017). Neste contexto, a interligação destes conhecimentos, levanta questões sobre os possíveis impactos da perda de espécies vegetais sobre os processos ecossistêmicos, notadamente no cenário atual, onde o Cerrado vem sofrendo perdas de biodiversidade em função de mudanças no uso da terra. Além disso, mudanças nos padrões climáticos afetarão potencialmente o bioma (Bustamante *et al.*, 2012a), modificando o regime sazonal tão impactante na região. Assim, compreender as relações acima descritas é fundamental para avaliar a importância da biodiversidade e da heterogeneidade espacial do solo, como forma de procurar manter o equilíbrio dinâmico dos sistemas presentes no bioma.

2. Hipóteses

1. Indivíduos arbóreos criam uma zona de influência em seu ambiente adjacente capaz de alterar as propriedades físico-químicas do solo através das características estruturais (área de copa) e fenológicas, deposição de serapilheira e características de aquisição de nutrientes e da serapilheira acumulada nessa área. Assim, tais Essas alterações podem variar em função do grupo funcional a que pertencem as espécies lenhosas e das variações decorrentes do regime sazonal.

A presença de um indivíduo vegetal provoca alterações no meio devido às modificações decorrentes das estratégias ecofisiológicas de cada espécie como arquitetura de copa e fenologia foliar, diferentes requerimentos nutricionais, capacidades de captação de nutrientes e de absorção de água, quantidade e composição de exsudados liberados no solo, de serapilheira, entre outros. Assim, as atividades de cada indivíduo das diferentes espécies resultam, ao final, na distinção de zonas de influência vegetais que diferenciam porções de solo em uma fina escala espacial.

2. A biomassa microbiana total e a atividade das enzimas fosfatase ácida e β -glicosidase diferem em solos sob a influência de espécies arbóreas distintas e entre as estações do ano.

A diversidade vegetal está associada ao funcionamento do solo, seja por meio da interação direta das plantas com grupos de microrganismos, como os fungos micorrízicos arbusculares e as bactérias fixadoras de nitrogênio, seja por meio das alterações que estas espécies vegetais provocam no solo devido a suas atividades fisiológicas. Assim, investimento em biomassa microbiana e atividade enzimática se diferenciam quando são comparados solos sob as influências de diferentes espécies arbóreas de Cerrado.

3. A estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares sofre influência do regime sazonal, diferenciando-se entre as estações seca e chuvosa, e da associação com espécies de lenhosas diferentes.

Os fungos micorrízicos arbusculares podem se associar a vários grupos de plantas, em função de seus requerimentos nutricionais e das necessidades do indivíduo vegetal simbiote. Essa interação é complexa e pode variar em função das espécies fúngicas e vegetais envolvidas e das condições ambientais momentâneas, como a

disponibilidade de nutrientes e de água. Assim, variações sazonais e na composição de espécies vegetais em uma área podem alterar a estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares em escalas temporais (estações seca e chuvosa) e espaciais finas (diferentes espécies vegetais crescendo em uma mesma área).

3. Objetivos

3.1. Objetivo geral

Este trabalho teve por objetivo principal investigar as relações entre a riqueza de espécies arbóreas e a microbiota do solo através da análise da influência de espécies de lenhosas sobre a estrutura da comunidade de fungos micorrízicos arbusculares e sobre a atividade enzimática do solo em diferentes estações do ano em uma parcela de cerrado sentido restrito, em uma área protegida de Brasília, Distrito Federal.

3.2. Objetivos específicos

- Caracterizar o solo na zona de influência (definida pela área sob a copa dos indivíduos) de diferentes espécies de lenhosas quanto às suas principais propriedades físicas e químicas em diferentes estações do ano;
- Avaliar a qualidade e a quantidade da serapilheira acumulada (*standing litter*) presente sob a copa de indivíduos vegetais de espécies lenhosas diferentes;
- Avaliar a atividade enzimática no solo e sua potencial relação com as espécies vegetais escolhidas e com as estações do ano;
- Comparar a estrutura das comunidades de FMAs nos solos coletados sob a influência de espécies vegetais pertencentes a diferentes grupos funcionais na estação seca e na estação chuvosa;
- Investigar potenciais relações entre as características do solo e da serapilheira presentes na área adjacente aos indivíduos vegetais com as comunidades de fungos micorrízicos arbusculares presentes no solo.

4. Material e métodos

4.1. Área de estudo

O estudo foi realizado na Reserva Ecológica do IBGE (RECOR), que faz parte da Área de Proteção Ambiental (APA) Gama-Cabeça-de-Veados no Distrito Federal, uma das Áreas Núcleo da Reserva de Biosfera do Cerrado classificada pela UNESCO. A RECOR foi criada em 1975 e possui cerca de 1350 ha, sendo localizada 26km ao sul do centro de Brasília (RECOR, 2015).

Segundo a classificação de Köppen (1931), o clima no local de estudo é tropical (Aw) com duas estações bem definidas. A estação seca ocorre de maio a setembro, sendo marcada por temperaturas mínimas mais baixas. Já a estação chuvosa ocorre de outubro a abril, sendo marcada por um maior volume de precipitação e por uma menor amplitude térmica. No período em que foi realizado o estudo, a precipitação total anual foi de 1.322mm, sendo 95% desse total ocorrendo na estação chuvosa compreendida entre 2015 e 2016 (Figura 1).

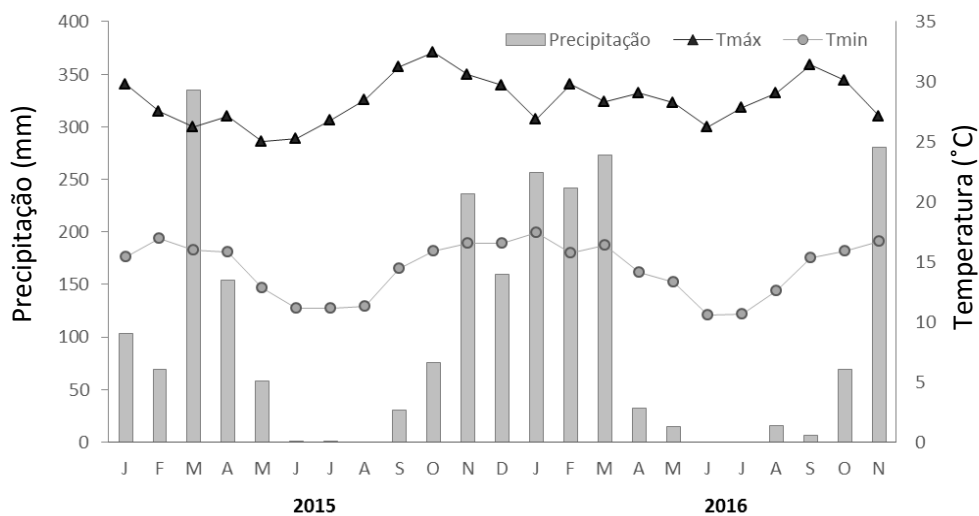


Figura 1. Dados de temperatura e precipitação coletados na estação meteorológica da RECOR obtidos para os anos de 2015 e 2016 junto ao Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).

Dentre as diversas fitofisionomias presentes na Reserva, foi escolhida uma área de cerrado sentido restrito, conforme a classificação de Ribeiro e Walter (1998), onde foi delimitada uma parcela de 2.500m² subdividida em 25 parcelas de 10m² para facilitar o deslocamento e a as coletas (Figura 2). Cabe notar que houve uma queimada parcial na área no ano de 2011. O solo do local escolhido é classificado como Latossolo Vermelho ácrico (EMBRAPA, 2006 e Ribeiro, 2011). Estes solos são argilosos, bem

drenados, ácidos, bastante profundos e intemperizados, possuindo uma grande quantidade de óxidos de ferro e alumínio (Sousa e Lobato, 2002).

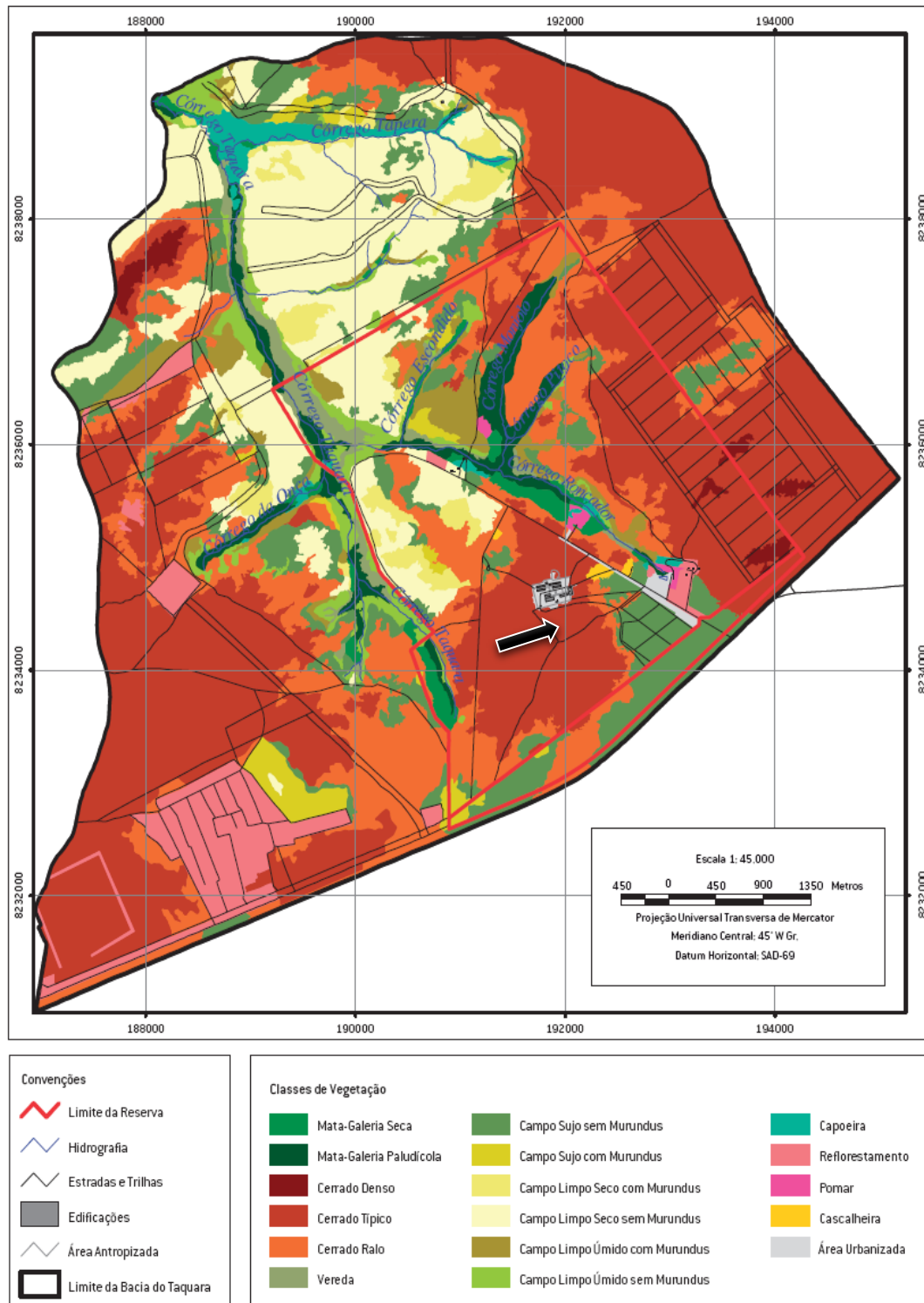


Figura 2. Distribuição da vegetação na RECOR. A seta preta indica o local escolhido para demarcação da parcela para o estudo. Adaptado de Ribeiro (2011).

4.2. Seleção das espécies vegetais e caracterização morfológica dos indivíduos

Dez espécies de lenhosas nativas do Cerrado foram selecionadas, considerando o seu índice de valor de importância (IVI). O IVI foi calculado pela soma da frequência relativa, da densidade relativa e da cobertura relativa para cada espécie em relação ao total da comunidade no estudo realizado por Saboya (2014) em outra área de cerrado típico com características similares. As espécies vegetais assim selecionadas possuem diferentes atributos funcionais, bem como diferentes fenologias foliares, sendo três brevidecíduas, três decíduas e quatro sempre-verdes, conforme apresentado na Tabela 1. Destaca-se que duas espécies são acumuladoras de alumínio da família Vochysiaceae: *Qualea grandiflora* Mart. e *Qualea multiflora* Mart. (Haridasan, 1982) e que três pertencem à família Fabaceae: *Dalbergia miscolobium* Benth., *Pterodon pubescens* (Benth.) Benth. e *Tachigali vulgaris* L.G. Silva & H.C. Lima. Entre as últimas, *T. vulgaris* ainda não foi descrita realizando fixação biológica de nitrogênio. *Roupala montana* Aubl. pertence à família Proteaceae, que possui um grande número de espécies vegetais descritas como não micorrizáveis (Lambers e Teste, 2013).

Tabela 1. Lista das espécies selecionadas para a realização do estudo. São indicadas as características funcionais consideradas e siglas que serão adotadas no presente trabalho. Fen = Fenologia, Acum. de alumínio = Acumuladora de alumínio, BDC = brevidecídua (perda das folhas por período igual ou inferior a uma mês), DEC= decídua (perda das folhas por período superior a um mês), SVC = sempre-verde com crescimento contínuo, SVS = sempre-verde com crescimento sazonal, FBN = Fixação Biológica de Nitrogênio. Os círculos pretos indicam as características potenciais. A espécie *T. vulgaris* ainda não foi descrita realizando FBN e está indicada com um círculo cinza.

Espécie	Família	Fen	Potencial FBN	Acum. de alumínio	Raízes proteóides	Sigla utilizada
<i>Qualea grandiflora</i> Mart. ³	Vochysiaceae	DEC		●		Qgr
<i>Qualea multiflora</i> Mart. ³	Vochysiaceae	DEC		●		Qmt
<i>Dalbergia miscolobium</i> Benth. ¹	Fabaceae	BDC	●			Dms
<i>Pterodon pubescens</i> (Benth.) Benth. ²	Fabaceae	DEC	●			Ppb
<i>Tachigali vulgaris</i> L.G. Silva & H.C. Lima ⁴	Fabaceae	SVC	●			Tvg
<i>Roupala montana</i> Aubl. ¹	Proteaceae	SVS			●	Rmt
<i>Caryocar brasiliense</i> Cambess. ²	Caryocaraceae	BDC				Cbr
<i>Ouratea hexasperma</i> (A.St.-Hil.) Baill. ¹	Ochnaceae	SVS				Ohx
<i>Blepharocalyx salicifolius</i> (Kunth) O.Berg. ¹	Myrtaceae	BDC				Bsf
<i>Mirsyne guianensis</i> (Aubl.) Kuntze. ¹	Primulaceae	SVC				Mgn

Com base em: ¹Lenza e Klink (2006), ²Pirani *et al.* (2009), ³Silvério e Lenza (2010) e ⁴Silva Júnior (2012)

Para cada espécie, foram selecionados 10 indivíduos, totalizando 100 indivíduos marcados na parcela de estudo. Os indivíduos foram escolhidos seguindo o método de busca ativa, de modo a estarem distribuídos em toda área da parcela da forma mais

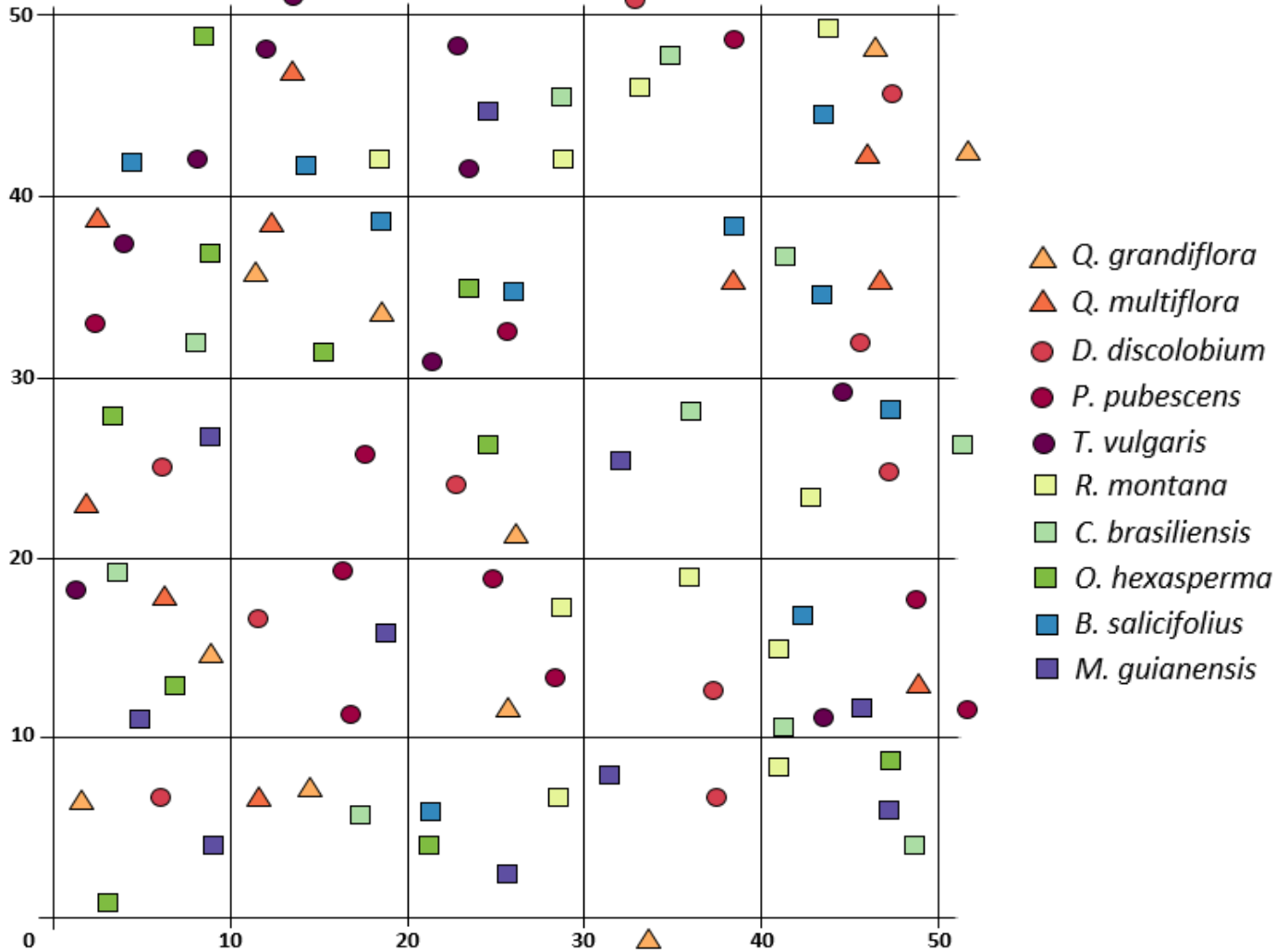


Figura 3. Representação da distribuição espacial dos indivíduos amostrados para cada espécie na parcela demarcada na área de cerrado típico da Reserva Ecológica do IBGE. Os triângulos representam as espécies acumuladoras de alumínio, os círculos as leguminosas e os quadrados as demais espécies.

homogênea possível (Figura 3).

Com auxílio de trenas e de régua telescópica, mediu-se a circunferência do tronco a 30 cm do solo e a altura de cada indivíduo. Estes dados foram utilizados para o cálculo da biomassa vegetal de cada indivíduo segundo a equação alométrica de Roitman *et al.* (dados não publicados*):

$$y|sp|\sim v = \frac{(409.0469739 * v^{0.97545} * 1,17)}{1000}$$

*Roitman (irisroitman01@gmail.com), em 24 de junho de 2016, recebida por correio eletrônico.

Para determinar a área da copa, foram medidos seus raios menor (a) e maior (b) a partir do centro da copa estimado visualmente. Os raios obtidos foram utilizados para o cálculo da área da copa que foi aproximada para a área de uma elipse utilizando-se a fórmula:

$$A = \pi ab$$

Esta área foi utilizada como referência na determinação da zona de influência de cada indivíduo em relação à área de solo (Figura 4).

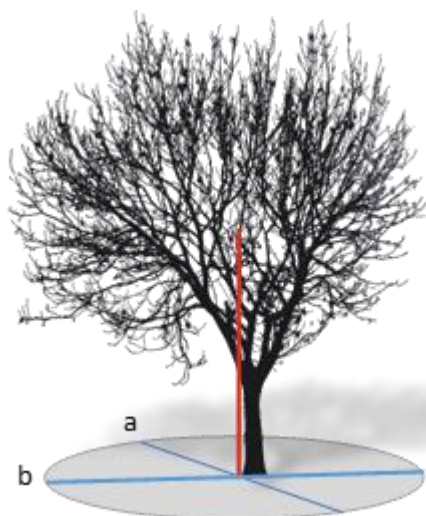


Figura 4. Método para estimativa da zona de influência da copa. Os raios menor (a) e maior (b) foram medidos a partir do centro da copa (vermelho), permitindo o cálculo da área da copa (cinza).

4.3. Coletas de solo e serapilheira

As amostragens de solo e serapilheira foram feitas dentro da zona de influência considerada para cada indivíduo em quatro pontos equidistantes (metade do raio menor) a partir do centro da copa. As amostragens foram realizadas evitando-se o solo próximo a formigueiros, cupinzeiros e desviando os pontos de coleta em caso de sobreposição com copas de outros indivíduos adjacentes.

As coletas de solo foram efetuadas em agosto de 2015 e em fevereiro de 2016, correspondendo ao auge das estações seca e chuvosa, respectivamente (Figura 1). Amostras de solo foram coletadas no intervalo de profundidade de 0-10cm, correspondendo à zona com maior biomassa de raízes (Castro e Kauffmann, 1998) e onde há maior atividade biológica (Lange *et al.*, 2015). Com auxílio de um trado, as amostras foram coletadas e acondicionadas em sacos plásticos que foram armazenados em caixas térmicas no campo para transporte no mesmo dia ao laboratório. Em laboratório, as amostras foram conservadas em câmara fria a 4°C. Todas as quatro

amostras de solo por indivíduo foram peneiradas em peneiras metálicas com malha de 2mm para a retirada de material como raízes, pedras ou folhas. Após este procedimento, quantidades iguais das quatro amostras foram misturadas para compor a amostra final. Desta amostra, foram separados cerca de 2g para as análises moleculares, sendo estas alíquotas armazenadas em freezer a -20°C.

A serapilheira sobre o solo na área de influência das copas foi coletada nas estações secas de 2015 (agosto) e 2016 (agosto e setembro), período em que há maior deposição de material (Nardoto *et al.*, 2006). Utilizou-se um gabarito com área de 25cm² que foi posicionado sobre o substrato e toda serapilheira contida dentro de sua área foi coletada em sacos de papel. O procedimento foi repetido quatro vezes para cada indivíduo, assim como feito para as coletas de solo. Uma vez no laboratório, o material permaneceu em estufa a 60°C por 72h para secagem. Após este período, os conteúdos dos quatro sacos correspondentes foram misturados para constituir uma amostra composta por indivíduo. As amostras da estação seca de 2015 foram adicionalmente submetidas a uma triagem manual em que as folhas da espécie-alvo (e seus fragmentos ainda reconhecíveis) foram separadas de folhas de outras espécies e dos demais componentes da serapilheira (galhos, frutos, fragmentos de matéria orgânica, entre outros – agrupados como miscelânea). Todas as frações triadas, bem como o total de serapilheira obtida por indivíduo, foram pesadas em balanças Marte ® modelo UX620H para obtenção da massa seca.

4.4. Análise de nutrientes na serapilheira

Após a triagem, as amostras compostas de serapilheira fina (folhas) foram processadas no moinho de facas modelo MA 048 (Marconi ®) e enviadas para análise de macro nutrientes (Ca, K, N, P e S) e micronutrientes (B, Cu, Fe, Mn e Zn) na Universidade Federal de Viçosa (UFV – MG), no Laboratório de Análise Solo, Tecido Vegetal e Fertilizante. A fração de serapilheira correspondente à miscelânea não foi enviada para análise. Algumas amostras tiveram quantidades insuficientes de material correspondente às folhas da espécie alvo e não foram enviadas. Com isto, não foram feitas análises para essa fração nas mostras coletadas sob *B. salicifolius*, para nove amostras sob *D. miscolobium* e para oito amostras referentes à *P. pubescens*.

Para a determinação das concentrações dos elementos Ca²⁺, K, Mg²⁺, P, S, Cu, Fe, Mn e Zn nos tecidos vegetais foi realizada uma digestão com os ácidos nítrico e perclórico na proporção 4:1. Os extratos obtidos foram lidos em um aparelho de plasma

por acoplamento indutivo (ICP) para a determinação das concentrações de cada nutriente. O nitrogênio foi determinado por digestão sulfúrica seguida por titulação com HCl 0,1 mol.L⁻¹. Por fim, o boro foi submetido a um procedimento de digestão seca com seu extrato sendo analisado em espectrofotômetro UV-VIS, utilizando o comprimento de onda de 420nm.

4.5.Análises de solo

4.5.1. Análise de nutrientes

Cerca de 100g de solo seco à temperatura ambiente foram enviados para a Universidade Federal de Viçosa (UFV – MG), no Laboratório de Análise Solo, Tecido Vegetal e Fertilizante para a realização das análises de matéria orgânica, macro (P, P-remanescente, K, Ca, Mg, S) e micronutrientes (B, Cu, Fe, Mn e Zn). O fósforo remanescente (P-rem) foi extraído com CaCl₂ 0,01mol/L e medido em espectrofotômetro de absorção molecular para o comprimento de onda de 725nm (Alvarez *et al.*, 2000). O magnésio foi extraído com KCl 1M e quantificado por espectrofotômetro de absorção atômica (Raij *et al.*, 2001). O fósforo foi extraído com extrator Mehlich-1 e medido por espectrofotômetro de absorção molecular, utilizando o comprimento de onda de 725nm (Braga e Defelipo, 1974). O potássio, o cobre, o ferro, o zinco e o manganês também foram extraídos com o extrator de Mehlich-1, sendo o potássio medido com um espectrofotômetro de emissão em chama e os demais elementos em espectrofotômetro de absorção atômica (Defelipo e Ribeiro, 1997). O boro foi extraído das amostras de solo com uma solução de CaCl₂ 5mmol/L e, em seguida, dosado em um espectrofotômetro UV-VIS, utilizando o comprimento de onda de 420nm. O cálcio foi extraído com KCl 1M e o enxofre com fosfato monocálcico em ácido acético, sendo ambos elementos quantificados por espectrofotômetro de absorção atômica (Raij *et al.*, 2001; Alvarez *et al.*, 2001). As análises de matéria orgânica foram feitas seguindo o método de Walkley-Black. Finalmente, foi determinada a capacidade de troca catiônica a pH 7,0 (CTC) a partir da soma das concentrações de enxofre obtidas com as concentrações de hidrogênio e alumínio, extraídos com acetato de cálcio 0,5 mol/L em pH 7,0 (Sousa e Lobato, 2002).

4.5.2. Determinação das concentrações de nitrogênio inorgânico

O nitrogênio inorgânico nas formas nítrica (N-NO_3^-) e amoniacal (N-NH_4^+) foi extraído em até 72h após a coleta de solos. Foram incubados 2g de solo fresco com 25mL de KCl 1M por 12h. Em seguida, os extratos foram filtrados com filtros Whatman de microfibra de vidro (12,5cm), congelados e posteriormente analisados por colorimetria em espectrofotômetro modelo Evolution 201 da empresa Thermo Scientific. As quantidades de nitrato nas amostras foram determinadas a partir das absorvâncias a 218, 228, 254 e 280nm (Meier, 1991). O amônio, por sua vez, foi determinado após a reação das amostras com 1mL de reagente Nessler e medição das absorvâncias a 425nm conforme método adaptado de Harper (1924).

4.5.3. Conteúdo gravimétrico de água do solo

O teor gravimétrico de água do solo foi determinado após secagem das amostras em estufa a 105°C por 72h pela diferença entre seu peso fresco e o peso seco do solo.

4.5.4. Determinação do pH do solo

Para a determinação do pH, as amostras de solo foram secas à temperatura ambiente por 72h. Em seguida, foram incubados 10g de solo seco em 25mL de água destilada, para determinação do pH em H_2O , e em 25mL de KCl 1M, para determinação do pH em KCl. Após 1h o pH foi determinado com o pHmetro da marca Hanna modelo 8519.

4.5.5. Ensaio enzimáticos

A atividade das enzimas fosfatase ácida e β -glicosidase no solo foram avaliadas com testes colorimétricos utilizando metilumbeliferil (MUB) segundo os protocolos de Tabatabai e Bremner (1970) e Alef e Nannipieri (1995). Tais protocolos já haviam sido testados para solos do Cerrado (Matsuoka *et al*, 2002). Para cada ensaio, 1g de solo foi incubado com 4mL de MUB (tampão universal modificado) e 1mL de substrato da enzima correspondente: para-nitrofenil fosfato (Sigma) para a fosfatase ácida e p-nitrofenil- β -Glucopyranoside (Sigma) para a β -glucosidase. Após 1h de incubação a 37°C, as reações foram paralisadas com acréscimo de sal (CaCl_2) e base (NaOH ou THAM) e filtradas em filtros Quanta® de 12,5cm (J.Prolab®). O material filtrado foi

então lido no espectrofotômetro modelo Evolution 201 (Thermo Scientific) para determinação de sua absorbância a 420nm que corresponde à quantidade de p-nitrofenol resultante da atividade enzimática. Os testes foram realizados com as amostras de solo fresco em triplicata para cada indivíduo, sendo duas replicatas experimentais e um controle correspondente em que o substrato da reação foi acrescentado após o período de incubação. O valor de absorbância obtido para as amostras controle, foi subtraído das amostras experimentais para a realização dos cálculos.

4.5.6. Determinação da biomassa microbiana

A determinação da biomassa microbiana total das amostras de solo fresco foi feita pelo método clorofórmio fumigação-incubação (CFI) de Jenkinson e Powlson (1976), modificado por Oliveira *et al.* (2001). Para cada espécie vegetal, foram selecionados três indivíduos que apresentaram os dados mais semelhantes possíveis nas demais análises realizadas com as amostras de solo (atividade enzimática, teor gravimétrico de água, pH e concentração de N inorgânico).

As amostras escolhidas foram preparadas em dois subgrupos: um destinado à fumigação e outro não, sendo cada subgrupo analisado em triplicata. Dez gramas de cada sub-amostra foram incubados por sete dias e, em seguida, um grupo foi submetido à fumigação com clorofórmio livre de álcool (J. T. Baker) por 48h. Após este processo, todas as amostras foram colocadas em frascos herméticos contendo um recipiente de vidro com 10mL de KOH 0,3M e incubadas por mais 10 dias. Em seguida, o KOH foi titulado com HCl 0,1M utilizando fenolftaleína como indicador para determinar a quantidade de CO₂ evoluído de cada amostra. A diferença das taxas de evolução do CO₂ entre as amostras fumigadas e não-fumigadas correspondentes permitiu assim a determinação da biomassa microbiana.

4.5.7. Extração de DNA total das amostras de solo

Foi realizada inicialmente uma extração direta de DNA das amostras de solo armazenadas a -20°C, utilizando o *kit* PowerSoil™ DNA Isolation Kit (MOBIO Laboratories, Inc) conforme as instruções do fabricante. A qualidade do DNA total obtido foi verificada por eletroforese em gel de agarose 1% corado com brometo de etídio ou GelRed™.

4.5.8. Amplificação por PCR (Reação da Polimerase em Cadeia)

Utilizou-se o protocolo Liang *et al.* (2008) cujo objetivo é a amplificação específica de fragmentos de DNA correspondentes aos fungos micorrízicos arbusculares (FMA) presentes na amostra para posterior uso em géis de poliacrilamida, seguindo a técnica de DGGE. A técnica é dividida em duas etapas consecutivas de reações de PCR, processo denominado também *nested PCR*.

A primeira etapa foi realizada com os iniciadores NS31 (5'-TTGGAGGGCAAGTCTGGTGCC-3'; Simon *et al.*, 1992) e AM1 (5'-GTTTCCCGTAAGGCGCCGAA-3'; Helgason *et al.*, 1998), sendo o primeiro geral para eucariotos e o segundo específico para FMA. Foram utilizados tampão de Taq 1X, MgCl₂ 1,5mM, dNTPs 200µM, iniciadores 10µM, BSA (0,3µg/µL) e Taq recombinante (Invitrogen®) 1u acrescidos de 1µL de DNA total para compor 12µl de reação. As amostras foram colocadas no termociclador Veriti da empresa Applied Biosystems seguindo o programa: 3 min de desnaturação inicial a 94°C, 1 minuto de anelamento inicial a 66°C e 90s de extensão inicial a 72°C, seguidos por 30 ciclos de 30s a 94°C para desnaturação, 1min a 66°C para anelamento e 90s a 72°C para extensão. Por fim, as amostras foram submetidas a uma extensão final de 10min a 72°C.

A obtenção de *amplicons* foi verificada por gel de agarose 1% corado com GelRed™. Utilizando o marcador 1kb Plus (Invitrogen®), garantiu-se que os fragmentos obtidos possuíam o tamanho esperado de 580pb referente a uma porção do rRNA 18S.

Em seguida, as amostras foram submetidas a um segundo ciclo de PCR com os iniciadores NS31-GC (5'-CGCCCGGGGCGCGCCCCGGGCGGGGCGGG GGCAC-GGGGGTTGGAGGGCAAGTCTGGTGCC-3'; Kowalchuk *et al.*, 2002) e Glo1 (5'-GCCTGCTTTAAACTCTA-3'; Cornejo *et al.*, 2004), sendo o primeiro portando um grampo GC e o segundo sendo um iniciador específico para o filo Glomeromycota. As reações foram preparadas com iguais concentrações finais de todos os reagentes, ajustando-se os valores para um volume final de 50µL e utilizando como *template* 1µL de DNA obtido pela primeira etapa. O programa realizado foi: 5min de desnaturação inicial a 94°C, seguido por 35 ciclos de 45s a 94°C para a desnaturação, 45s a 52°C para o anelamento e 1min a 72°C para extensão, sendo a reação finalizada com uma extensão final de 10min a 72°C. A obtenção dos fragmentos esperados de 230pb, foi verificada por eletroforese em gel de agarose 1% corado com GelRed™.

4.5.9. Gel de gradiente desnaturante- PCR/DGGE

Visando compreender de que modo as comunidades de FMA estavam estruturadas nas amostras de solo, os fragmentos de DNA obtidos via *nested* PCR, foram submetidos à técnica de DGGE com géis paralelos de poliacrilamida a 8% (w/v) feitos com gradiente de desnaturação de 35 a 55% dados por uréia-formamida. Os géis foram feitos utilizando o sistema de eletroforese vertical Bio-Rad Dcode™ Universal Mutation Detection ligado à fonte Bio-Rad Power Pac HV™, sendo lavados por 1 hora em TAE 1X a 60°C e 60V antes da aplicação das amostras. Em seguida, foram aplicados em cada poço do gel 30µL de produto da PCR acrescidos de 20µL de corante (2% de azul de bromofenol, 2% de xileno cianol, 100% de glicerol). Para permitir a análise posterior dos géis, marcadores de peso molecular 1kb (Invitrogen) foram aplicados em dois poços de cada gel, co-migrando com as amostras. Cada corrida teve duração de 18 horas, sendo os géis mantidos em tampão TAE 1X à temperatura constante de 60° C e voltagem de 60V, condições iguais às da lavagem anterior. Os géis foram corados com bormeto de etídio e revelados no fotodocumentador L-PIX STi no Laboratório de Fitopatologia Molecular da Universidade de Brasília.

4.6. Análises Estatísticas

A normalidade da distribuição de todos os dados coletados foi verificada por meio do Teste de Shapiro-Wilk e confirmada pela observação dos histogramas de distribuição dos dados e dos gráficos do tipo Q-Q (quantil-quantil). Após a realização dos testes, foi verificada também a normalidade da distribuição dos resíduos obtidos.

Para testar a primeira hipótese sobre a zona de influência de indivíduos arbóreos, a área da copa e a biomassa seca total de cada indivíduo vegetal amostrado foram submetidos a uma análise de variância (ANOVA) com intervalo de confiança de 95% para verificar diferenças entre as espécies escolhidas para o estudo. Essas análises foram seguidas pelo pós-teste de Tukey, também com intervalo de confiança de 95%. Em seguida, os dados referentes à serapilheira total acumulada (em 2015 e 2016), à partição da serapilheira (2015), aos nutrientes presentes nas folhas e todos os dados físico-químicos coletados para o solo, foram avaliados seguindo a mesma lógica, sendo consideradas as diferenças entre as espécies em cada estação estudada e a existência de diferenças entre as amostras da mesma espécie em estações diferentes. Estes dados

foram identificados por meio da análise de variância de medidas repetidas (ANOVA de medidas repetidas), utilizando as estações e as espécies como fatores. Para avaliar a significância das interações em todos os testes foi realizado adicionalmente um teste *Post-hoc* de Tukey, sendo adotado novamente o intervalo de confiança de 95%. A correlação das variáveis resposta obtidas para as amostras de solo (teor gravimétrico de água, pH, nitrogênio inorgânico, nutrientes, atividade enzimática e carbono da biomassa microbiana), de serapilheira (massa de cada compartimento e nutrientes) e para os dados morfológicos dos indivíduos vegetais (altura, diâmetro do tronco, área da copa, biomassa vegetal) foi testada pelo Teste de Pearson estabelecendo-se intervalo de confiança de 95% para os testes de hipótese.

Para testar a segunda hipótese sobre diferenças nos atributos microbiológicos do solo, foram realizados também testes de variância de medidas repetidas, seguidos pelo teste de Tukey, onde foram identificadas diferenças entre os resultados obtidos para as análises de biomassa microbiana e de atividade das enzimas fosfatase ácida e β -glicosidase tanto comparação entre amostras coletadas sob a influência das diferentes espécies, quanto na comparação entre as amostras coletadas para a mesma espécie, mas em estações diferentes. Todos os testes foram realizados utilizando o *software* R (versão 3.4.0) e o programa RStudio (versão 1.0.143).

A terceira hipótese, que versa sobre as diferenças na estruturação das comunidades de FMAs, foi avaliada a partir dos géis de gradiente desnaturante. Os perfis obtidos por DGGE foram normalizados a partir da comparação com os marcadores e, em seguida, foram analisados com *software* BioNumerics (Applied Math) a partir da criação de uma matriz de similaridade com base no coeficiente Dice e utilizando o método da distância média não ponderada ou UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic) para análise dos agrupamentos formados.

5. Resultados

5.1. Caracterização da área de influência dos indivíduos arbóreos

5.1.1. Estrutura dos indivíduos arbóreos

A biomassa aérea seca total das espécies variou sendo a menor média encontrada para *R. montana* com $1,1 \pm 1,4$ kg e a maior média encontrada em *P. pubescens* com $104,7 \pm 89,5$ kg. Dentro deste intervalo de variação, as espécies podem ser divididas em grupos (Figura 5). O primeiro grupo é composto por *R. montana*, *M. guianensis*, *Q. multiflora* e *O. hexasperma* e possui biomassa média de $2,1 \pm 2,5$ kg. O segundo grupo é formado por *D. miscolobium*, *B. salicifolius*, *C. brasiliensis* e *Q. grandiflora* com biomassa seca média de $32,0 \pm 8,9$ kg. As espécies *T. vulgaris* e *P. pubescens* possuem os maiores valores médios de biomassa com $91,4 \pm 13,1$ kg.

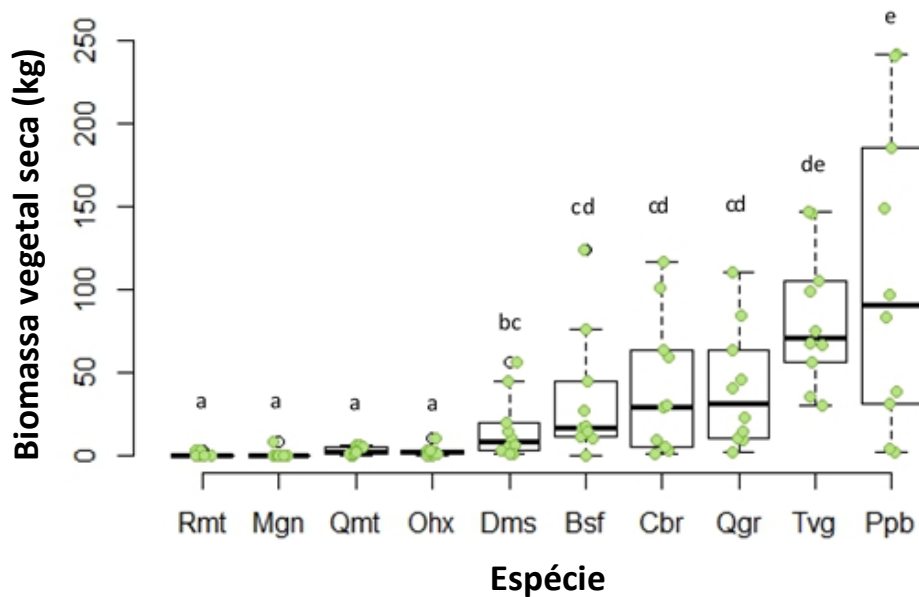


Figura 5. Biomassa vegetal seca das espécies amostradas na Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2015. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $F = 20,84$, $p < 0,05$). Rmt = *R. montana*, Mgn = *M. guianensis*, Qmt = *Q. multiflora*, Ohx = *O. hexasperma*, Dms = *D. miscolobium*, Bsf = *B. salicifolius*, Cbr = *C. brasiliensis*, Qgr = *Q. grandiflora*, Tvg = *T. vulgaris* e Ppb = *P. pubescens*.

A caracterização da zona de influência de cada indivíduo vegetal estudado foi feita também com base na área estimada de sua copa. As espécies podem ser divididas em grupos que variam em ordem crescente de área da copa (Figura 6). As espécies *M. guianensis*, *R. montana*, *O. hexasperma*, *Q. multiflora* e *D. miscolobium* apresentaram as menores médias, variando de $0,3 \pm 0,1\text{m}^2$ a $2,9 \pm 2,8\text{m}^2$, enquanto as espécies *Q. grandiflora*, *B. salicifolius*, *C. brasiliense*, *P. pubescens* e *T. vulgaris* apresentaram médias superiores que variam de $5,6 \pm 4,9\text{m}^2$ a $14,6 \pm 7,1\text{m}^2$.

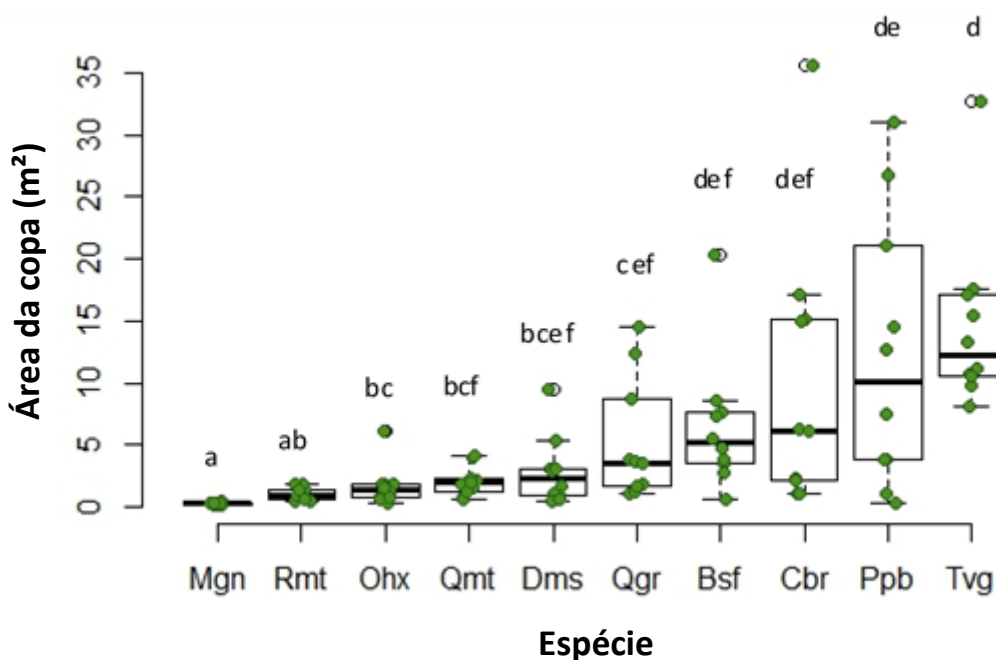


Figura 6. Área das copas calculadas para cada espécie vegetal amostrada na Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2015, apresentadas em ordem crescente. Letras diferentes indicam diferenças significativas (ANOVA, $F = 16,06$, $p < 0,05$). Rmt = *R. montana*, Mgn = *M. guianensis*, Qmt = *Q. multiflora*, Ohx = *O. hexasperma*, Dms = *D. miscolobium*, Bsf = *B. salicifolius*, Cbr = *C. brasiliensis*, Qgr = *Q. grandiflora*, Tvg = *T. vulgaris* e Ppb = *P. pubescens*.

Os valores de biomassa aérea seca e as áreas de copa apresentaram uma correlação positiva significativa (teste de correlação de Pearson, $r = 0,82$, $p < 0,05$), representada na Figura 7.

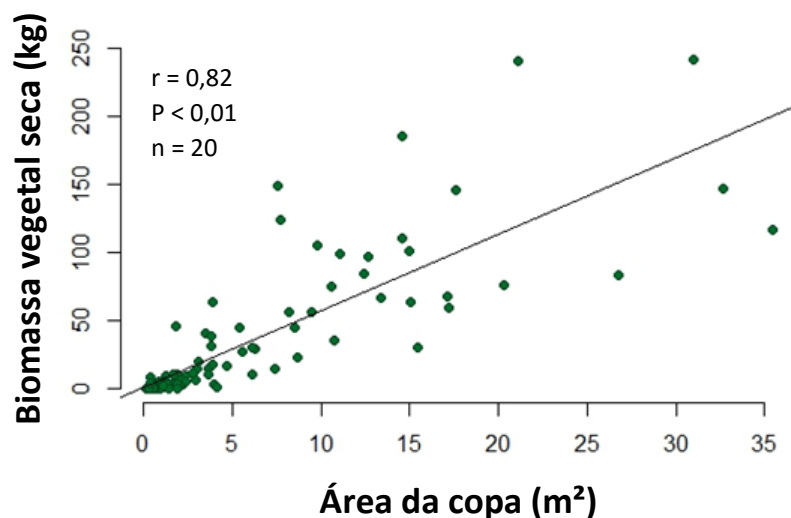


Figura 7. Relação entre as medidas de área da copa (m²) e biomassa aérea seca (kg) estimadas para dez espécies de lenhosas amostradas na Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2015. Os valores de significância foram obtidos com o teste de correlação de Pearson.

5.1.2. Quantidade e qualidade da serapilheira (*standing litter*)

A massa de serapilheira total acumulada na zona de influência de cada espécie foi mensurada nas estações seca de 2015 e 2016 (Figura 8). No ano de 2015 a maior massa de serapilheira foi encontrada sob *Q. multiflora* ($412,0 \pm 54,4 \text{ g. m}^{-2}$) e as menores sob *B. salicifolius* e *C. brasiliense*, sendo de cerca de 145 g. m^{-2} . Juntamente com *Q. multiflora*, as espécies *T. vulgaris* e *R. montana* apresentaram um valor médio de serapilheira superior a 300 g. m^{-2} . Em contraste, as espécies *Q. grandiflora*, *D. miscolobium*, *P. pubescens*, *O. hexasperma* e *M. guianensis* formaram um grupo distinto com médias entre 200 e 250 g. m^{-2} (ANOVA, $F = 7,47$, $p < 0,05$).

No ano de 2016, as espécies *Q. grandiflora*, *Q. multiflora*, *D. miscolobium*, *P. pubescens* e *R. montana* formaram um grupo com médias de serapilheira total similares, sendo a menor delas encontrada sob *D. miscolobium* ($152,4 \pm 36,8 \text{ g. m}^{-2}$) e a maior sob *P. pubescens* ($210,9 \pm 39,0 \text{ g. m}^{-2}$). As espécies *C. brasiliense* e *B. salicifolius* apresentaram médias intermediárias de $271,5 \pm 65,7 \text{ g. m}^{-2}$ e $266,4 \pm 43,1 \text{ g. m}^{-2}$, respectivamente (ANOVA, $F = 20,27$, $p < 0,05$). Por fim, as maiores médias de serapilheira acumulada foram encontradas na zona de influência das *T. vulgaris* e *O. hexasperma*, sendo de cerca de $360,0 \text{ g. m}^{-2}$ (Figura 8.B).

Comparando-se os dois anos de coleta para a mesma espécie, em 2015 as maiores quantidades de serapilheira acumulada foram medidas na zona de influência sob as espécies *Q. grandiflora* e *R. montana* possuíram maiores quantidades de serapilheira acumulada em sua zona de influência no ano de 2015. Já para as espécies *C. brasiliense* e *B. salicifolius*, foram encontradas maiores quantidades de material no ano de 2016. As demais espécies não apresentaram diferenças significativas entre os anos comparados (ANOVA de medidas repetidas, $F = 12,09$, $p > 0,05$).

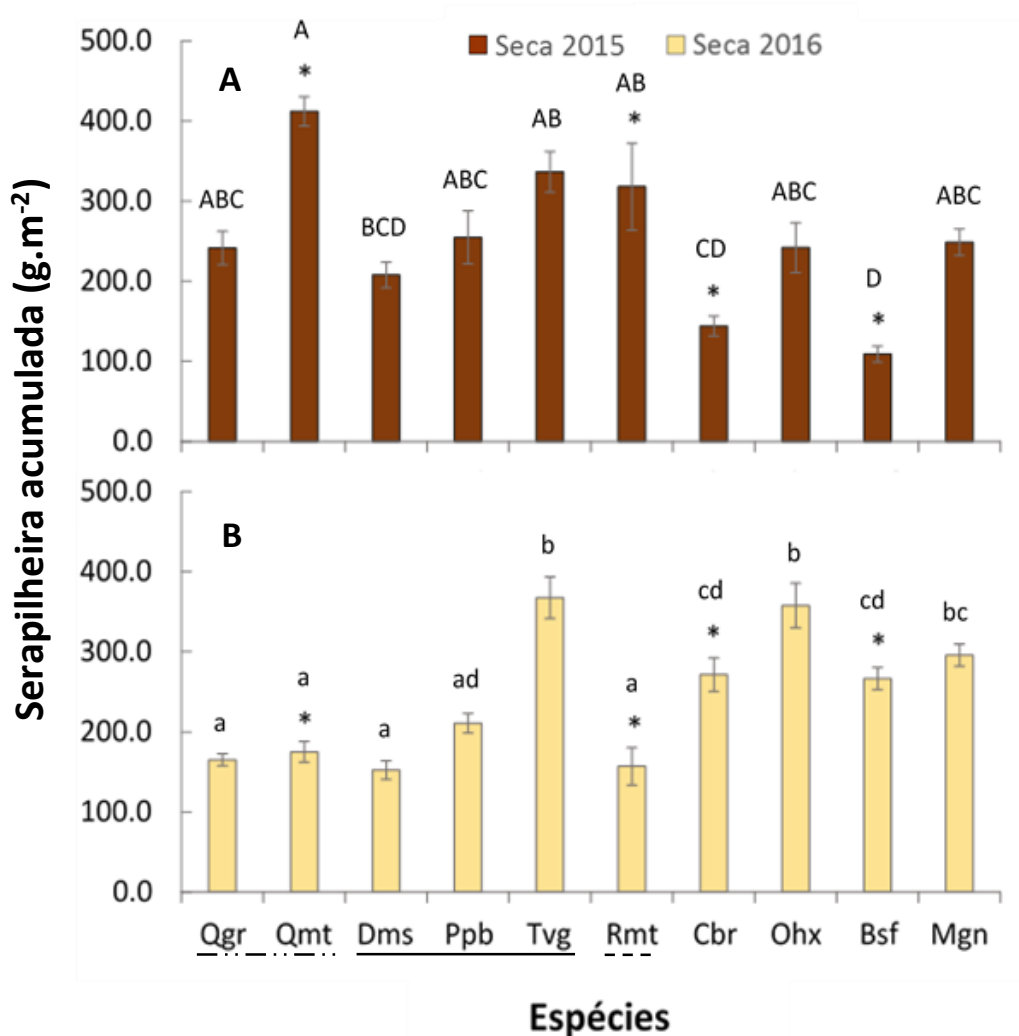


Figura 8. Serapilheira total acumulada na zona de influência de dez espécies lenhosas amostradas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações secas dos anos de 2015 (A) e 2016(B). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies em cada estação (ANOVA, $p < 0,05$). Os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 12,09$, $p < 0,05$). As barras verticais representam o erro padrão das médias ($n = 10$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

Com relação à contribuição relativa de serapilheira fina (folhas) e grossa (galhos, frutos, pedaços de carvão e demais materiais biológicos não reconhecíveis), observou-se que para todas as amostras coletadas a serapilheira grossa representou a maior contribuição, variando de $49,5 \pm 13,0\%$ da massa total de serapilheira nas amostras sob *O. hexasperma* e chegando a $79,2 \pm 7,4\%$ nas amostras sob *P. pubescens* (Figura 9.A). As amostras sob as demais espécies apresentaram valores de serapilheira fina variando em torno de 35% da massa total de serapilheira.

A avaliação da serapilheira fina revelou que, para todas as amostras, as folhas de outras espécies (mix) apresentaram maior contribuição em relação às folhas das espécies alvo coletadas na área de influência. Observou-se ainda a existência de padrões diferentes entre as espécies estudadas (Figura 9.B). As espécies *T. vulgaris* e *R. montana*, ambas sempre-verdes, foram as que mais contribuíram para a massa total de serapilheira fina coletada com valores médios de cerca de 45% de folhas específicas, contra 55% de folhas de outras espécies. *C. brasiliense* (brevidecídua) apresentou a segunda maior média, contribuindo com cerca de 40% de folhas específicas na composição da serapilheira fina. As também brevidecíduas, *B. salicifolius* e *D. miscolobium*, apresentaram os menores valores encontrados, sendo as folhas dessas espécies constituindo menos de 10% da massa de serapilheira fina em sua zona de influência. As demais espécies apresentaram valores no intervalo de 20% a 30%.

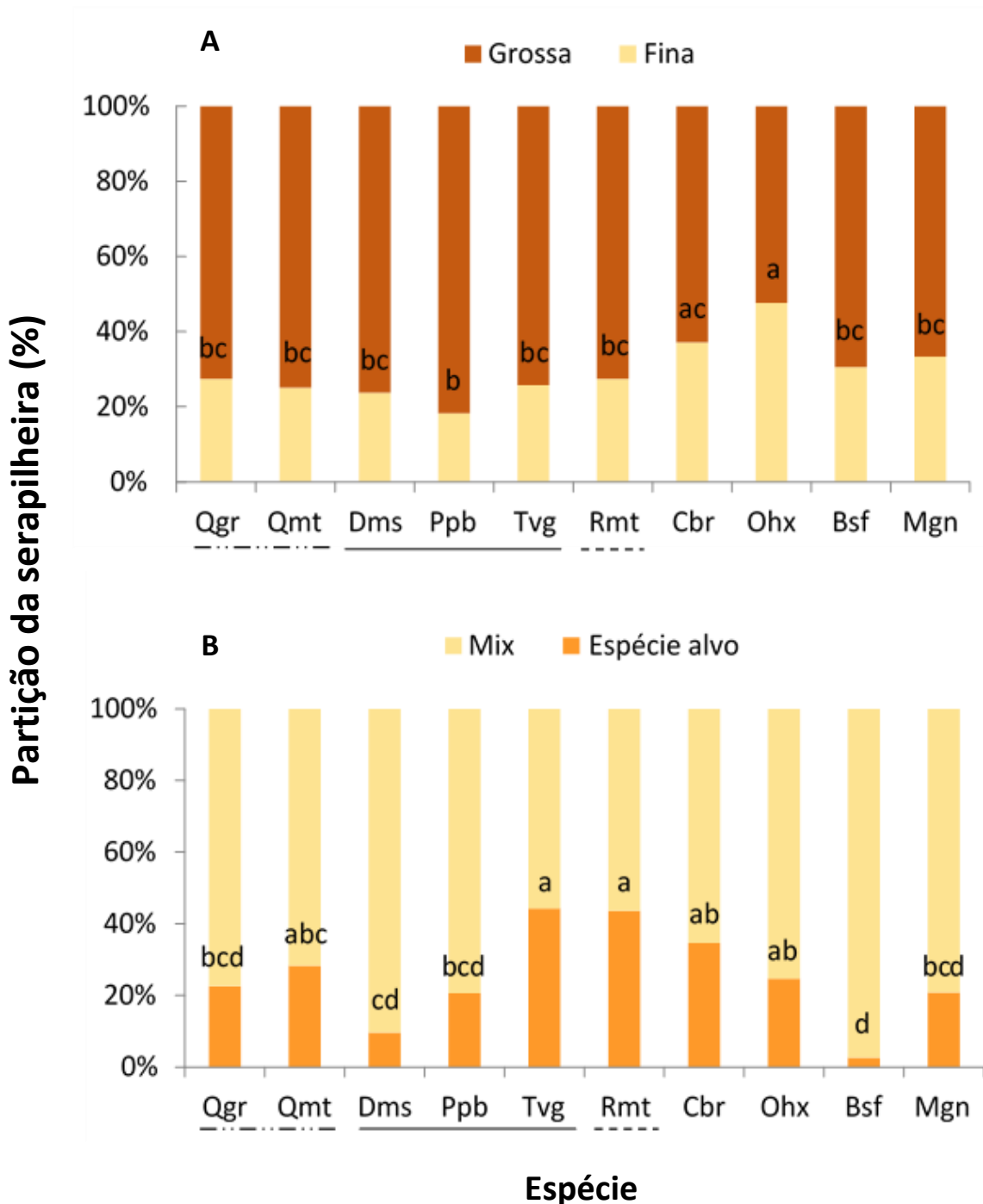


Figura 9. Partição da serapilheira acumulada na zona de influência de dez espécies lenhosas amostradas na Reserva Ecológica do IBGE na estação secas do ano de 2015. São apresentadas a contribuição das frações grossa (galhos, frutos, e fragmentos de material vegetal) e fina (folhas) em A e a partição da serapilheira fina é destacada em B, diferenciando-se folhas da espécie alvo das demais folhas presentes no material coletado (mix). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies quanto à serapilheira fina em A e quanto às folhas da espécie alvo em B (ANOVA, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

5.1.3. Composição nutricional da serapilheira

As amostras de serapilheira fina coletadas na estação seca de 2015 foram avaliadas quanto a sua composição nutricional separando as frações correspondentes às folhas da espécie alvo e ao mix de folhas (Figuras 10 a 15).

As concentrações de nitrogênio e fósforo apresentaram maior variação quando comparadas para as espécie-alvo em relação às concentrações na amostra mix sob cada espécie (Figura 10). As concentrações de **nitrogênio** nas espécie-alvo variaram entre 7 e 11 g.kg⁻¹ para a maioria das espécies, sendo a serapilheira coletada sob *R. montana* a que apresentou a menor concentração média (6,1 ± 0,7 g.kg⁻¹), enquanto que a coletada sob *D. miscolobium* apresentou a maior média (15 g.kg⁻¹, n=1). A menor concentração de **fósforo** encontrada foi nas amostras de *T. vulgaris* (0,1 ± 0,0 g.kg⁻¹) e a maior foi para *Q. multiflora* (0,3 ± 0,1 g.kg⁻¹).

Os valores médios das concentrações de **potássio** variaram em torno de 10 g.kg⁻¹, sendo que apenas as amostras das espécies *P. pubescens* e *M. guianensis* apresentaram médias de 18,7 ± 2,1 g.kg⁻¹ e 14,6 ± 4,2 g.kg⁻¹, respectivamente. As concentrações de **cálcio** apresentaram as maiores variações entre as espécies com valores abaixo do limite de detecção para as amostras da espécie *D. miscolobium*, até 7,1 ± 0,9 g.kg⁻¹, para a espécie *O. hexasperma* (Figura 11). Já os menores valores de concentração de **magnésio** encontrados foram para as espécies *T. vulgaris* (5,3 ± 2,2 g.kg⁻¹) e *Q. grandiflora* (9,3 ± 3,3 g.kg⁻¹), sendo as espécies *C. brasiliense*, *O. hexasperma* e *M. guianensis* com médias mais elevadas próximas a 16 g.kg⁻¹. As concentrações de **enxofre** apresentaram valores médios entre 0,5 g.kg⁻¹ e 0,8 g.kg⁻¹ com apenas duas espécies, *T. vulgaris* e *R. montana* (ambas sempre-verdes), tendo valores inferiores às demais chegando a cerca de 0,4 mg.kg⁻¹ (Figura 12).

As concentrações de **micronutrientes** também variaram entre as amostras de cada espécie. A concentração de **boro** apresentou valores médios próximos a 20 mg.kg⁻¹ para as amostras de todas espécies exceto *P. pubescens* que teve média de 52,5 ± 5,7 mg.kg⁻¹. As concentrações médias de **cobre** variaram entre 6,3 mg.kg⁻¹, para a amostras coletada sob *D. miscolobium*, e 1,9 ± 0,6 mg.kg⁻¹, para as amostras sob *R. montana*. A concentração média de **ferro** foi mais baixa nas amostras de *R. montana* e *M. guianensis* (cerca de 200 mg.kg⁻¹), e a mais alta foi determinada em amostras de *Q. grandiflora*, com 938,0 ± 581,1 mg.kg⁻¹. Os valores médios da concentração de

manganês variaram entre 150 mg.kg⁻¹ e 250 mg.kg⁻¹ nas amostras da maioria das espécies. Destaca-se que nas amostras de *T. vulgaris* e *M. guianensis*, a concentração média de manganês foi inferior a 10 mg.kg⁻¹ enquanto em *O. hexasperma* a concentração foi de 352,5 ± 63,3 mg.kg⁻¹. Por fim, as concentrações médias de **zinco** variaram entre 10 mg.kg⁻¹ e 20 mg.kg⁻¹ nas amostras coletadas sob a influência de todas as espécies menos para *R. montana* que apresentou média de 5,0 ± 1,6 mg.kg⁻¹.

As concentrações de nutrientes nas amostras do mix de serapilheira fina (folhas) apresentaram pouca variação entre as amostras coletadas na zona de influência de diferentes espécies, sendo que apenas as concentrações de potássio e ferro apresentaram diferenças significativas. A concentração média de **potássio** nas amostras sob *Q. grandiflora* (19,4 ± 10,3 g.kg⁻¹) diferiu das amostras sob as demais espécies com concentrações médias entre 8 e 15 g.kg⁻¹. Quanto à concentração de **ferro**, a maioria das amostras apresentou valores médios próximos a 400 mg.kg⁻¹ ao passo que amostras sob *Q. grandiflora* e *B. salicifolius* apresentaram médias de cerca de 250 mg.kg⁻¹ e sob *O. hexasperma* de 721,4 ± 253,4 mg.kg⁻¹. Em relação aos outros elementos nas amostras mix de serapilheira fina, as médias da concentração de **nitrogênio** foram de cerca de 10 g.kg⁻¹, de **fósforo** entre 0,20 e 0,25 g.kg⁻¹, de **enxofre** próximas a 0,6 g.kg⁻¹, de **cálcio** próximas a 4 g.kg⁻¹ e de **magnésio** entre 10 e 15 g.kg⁻¹ (figuras de 10 a 13).

As concentrações médias de micronutrientes foram torno de 5 mg.kg⁻¹ para o **cobre**, de 20 a 35 mg.kg⁻¹ para **boro**, próximas a 150 mg.kg⁻¹ para **manganês** e em cerca de 10 mg.kg⁻¹ para **zinco**. Não houve diferença significativa entre as amostras coletadas sob a influência das diferentes espécies (ANOVA, p < 0,05).

Os valores de estoques de nutrientes encontrados sob cada espécie foram calculados a partir das concentrações obtidas e da massa encontrada para cada compartimento da serapilheira fina. Os estoques variam significativamente entre as espécies estudadas para todos os nutrientes considerados. A área de influência sob a espécie *O. hexasperma* está associada aos maiores estoques para todos os nutrientes medidos, ao passo que a área sob a espécie *R. montana* possui os menores valores de estoque de nutrientes, notadamente em relação à contribuição das folhas de sua espécie, que possuem valores muito baixos em relação à contribuição das folhas das demais espécies encontradas (mix) em sua zona de influência. O mix de folhas representou a maior fração do estoque para todos os nutrientes analisados (Figuras 10 a 15).

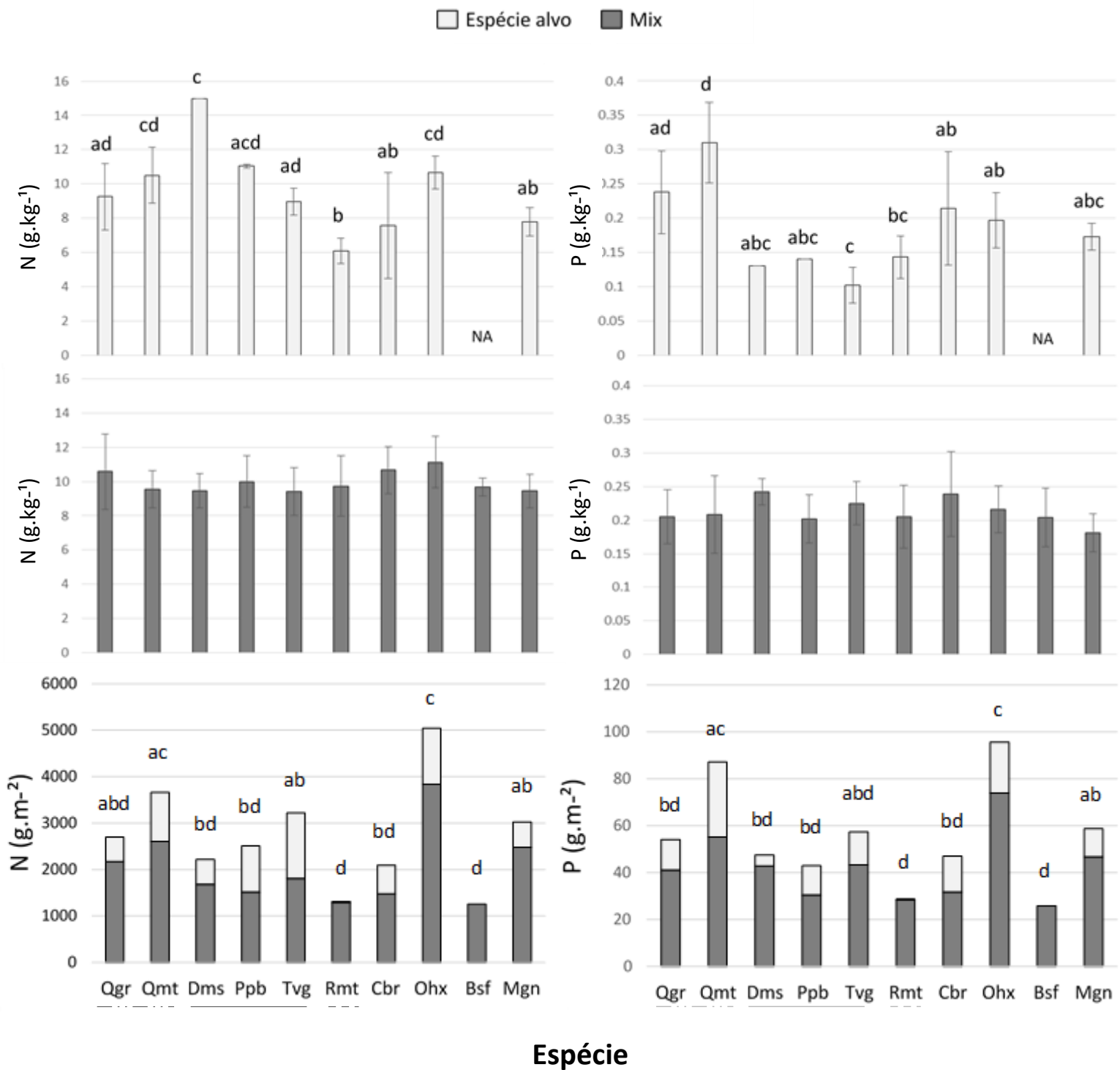


Figura 10. Concentrações e valores totais (estoques) de nitrogênio (esquerda) e fósforo (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

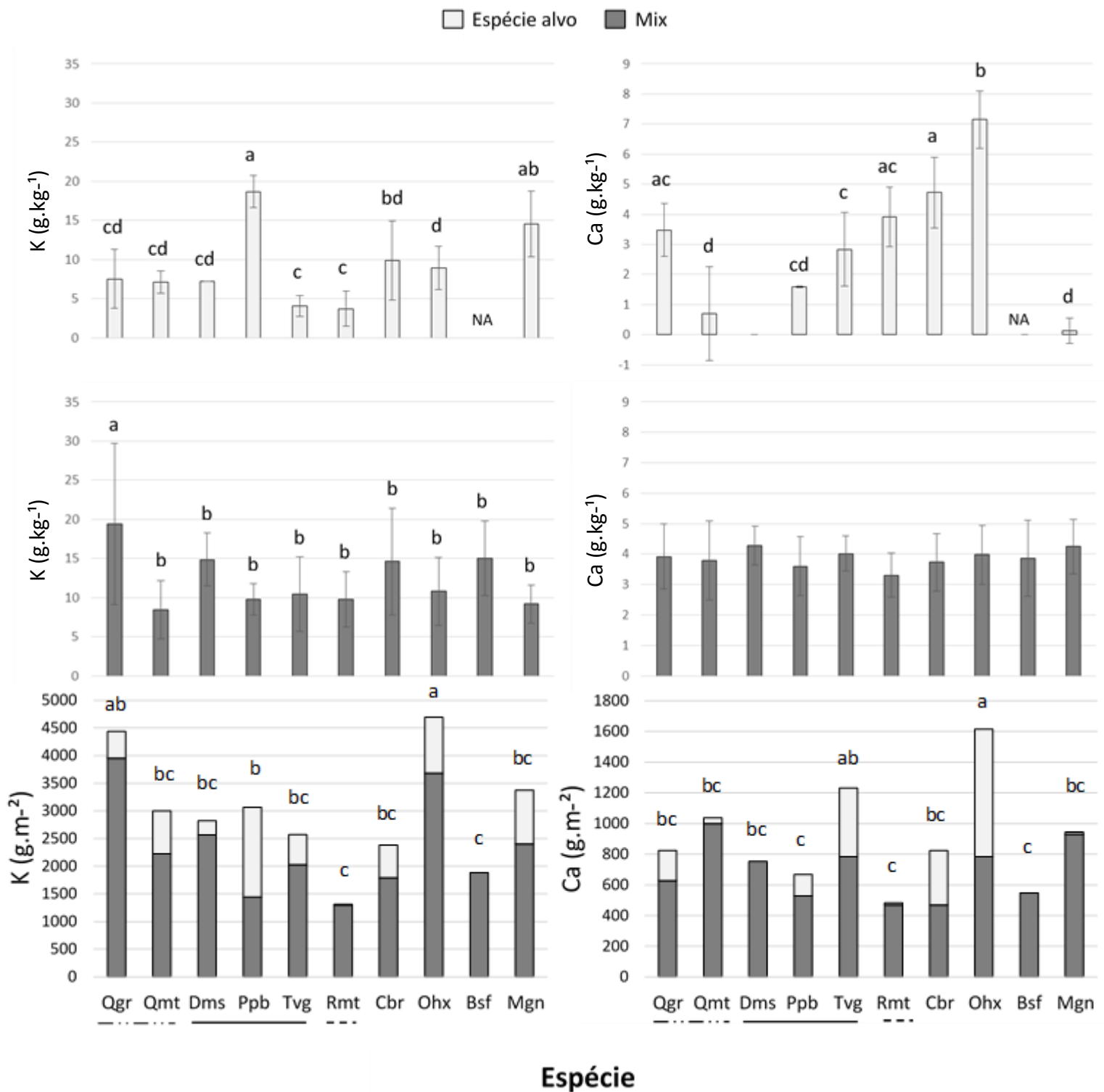


Figura 11. Concentrações e valores totais (estoques) de potássio (esquerda) e cálcio (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

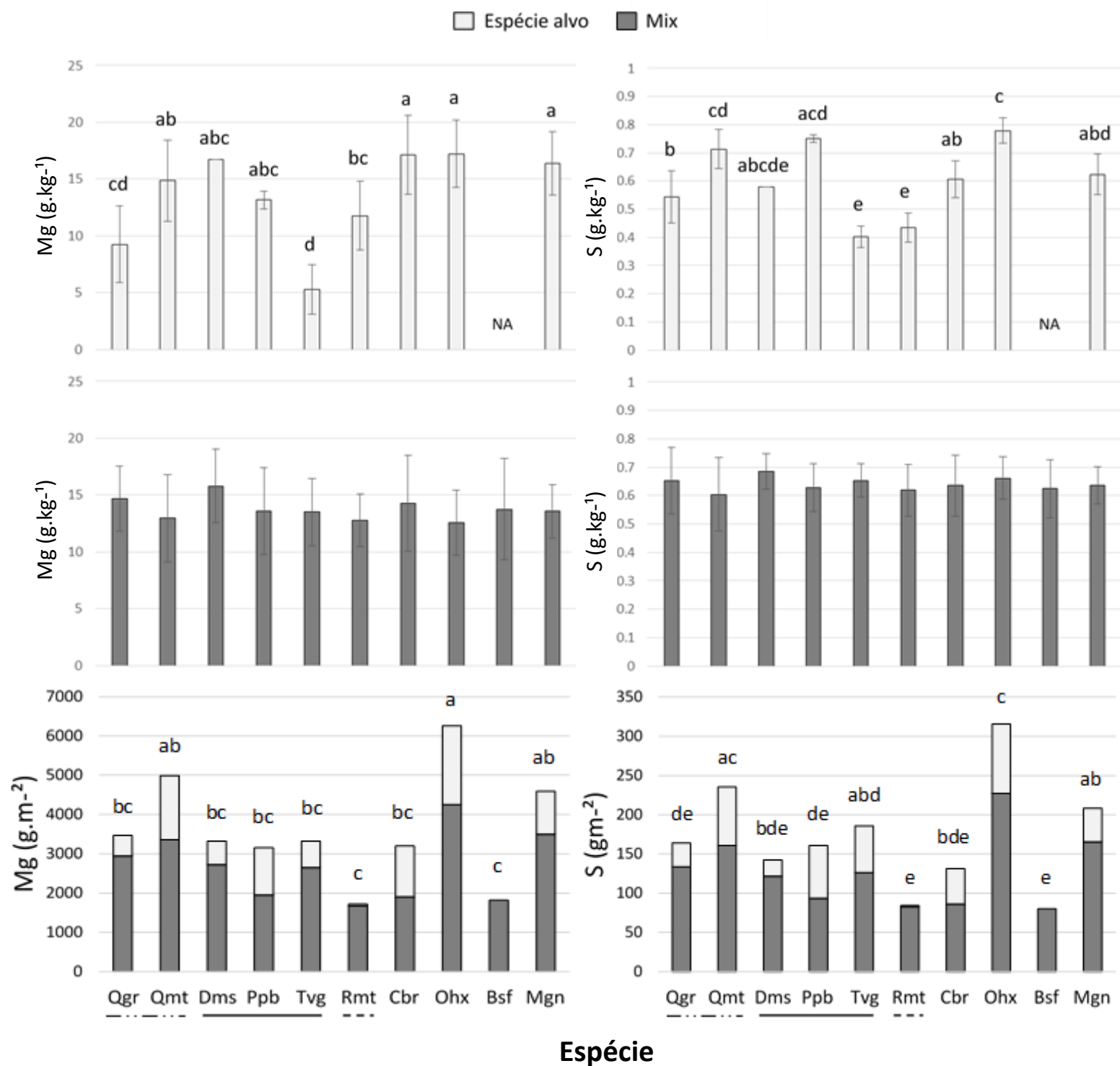


Figura 12. Concentrações e valores totais (estoques) de magnésio (esquerda) e enxofre (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

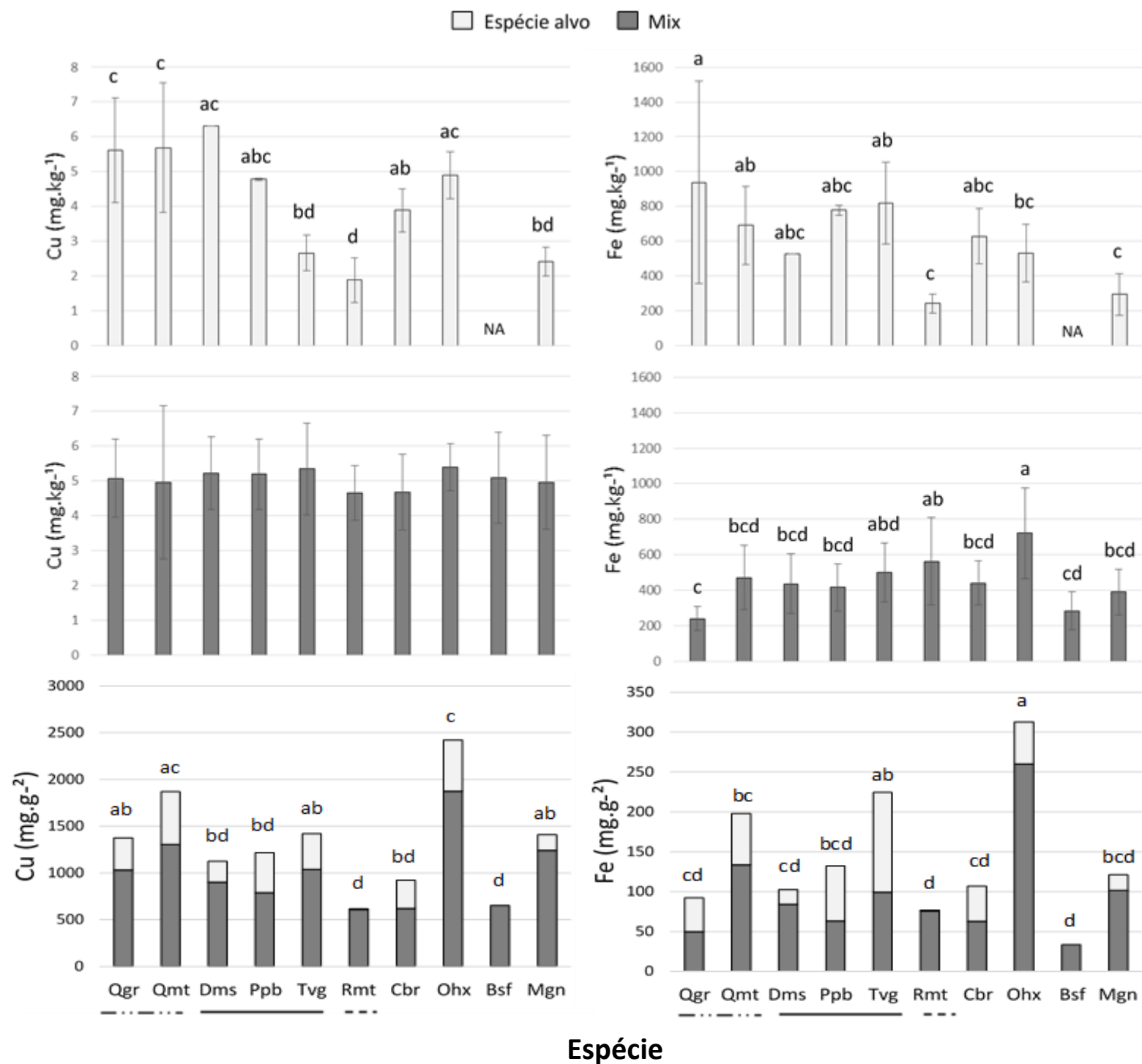


Figura 13. Concentrações e valores totais (estoques) de cobre (esquerda) e ferro (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

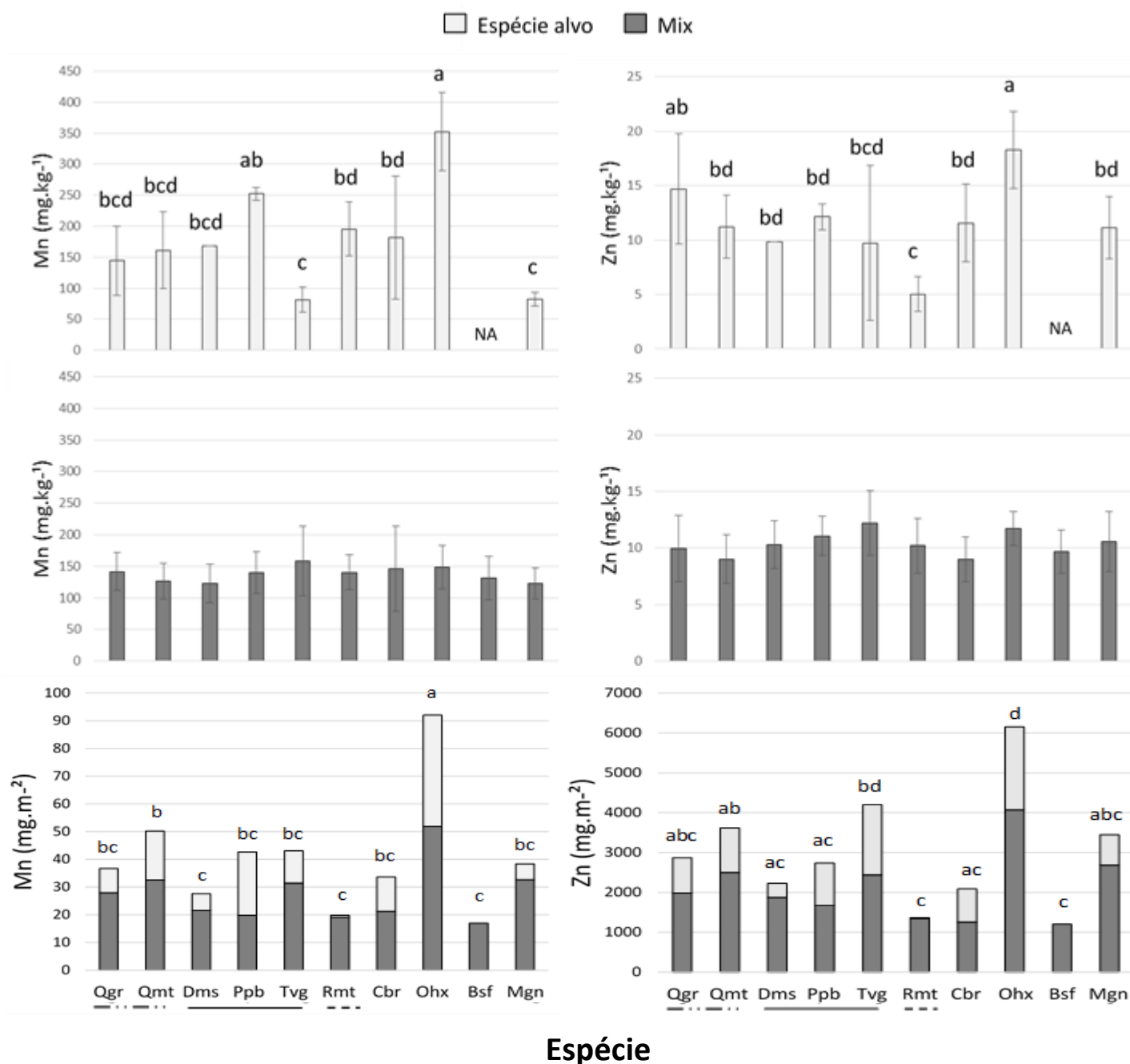


Figura 14. Concentrações e valores totais (estoques) de manganês (esquerda) e zinco (direita) encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

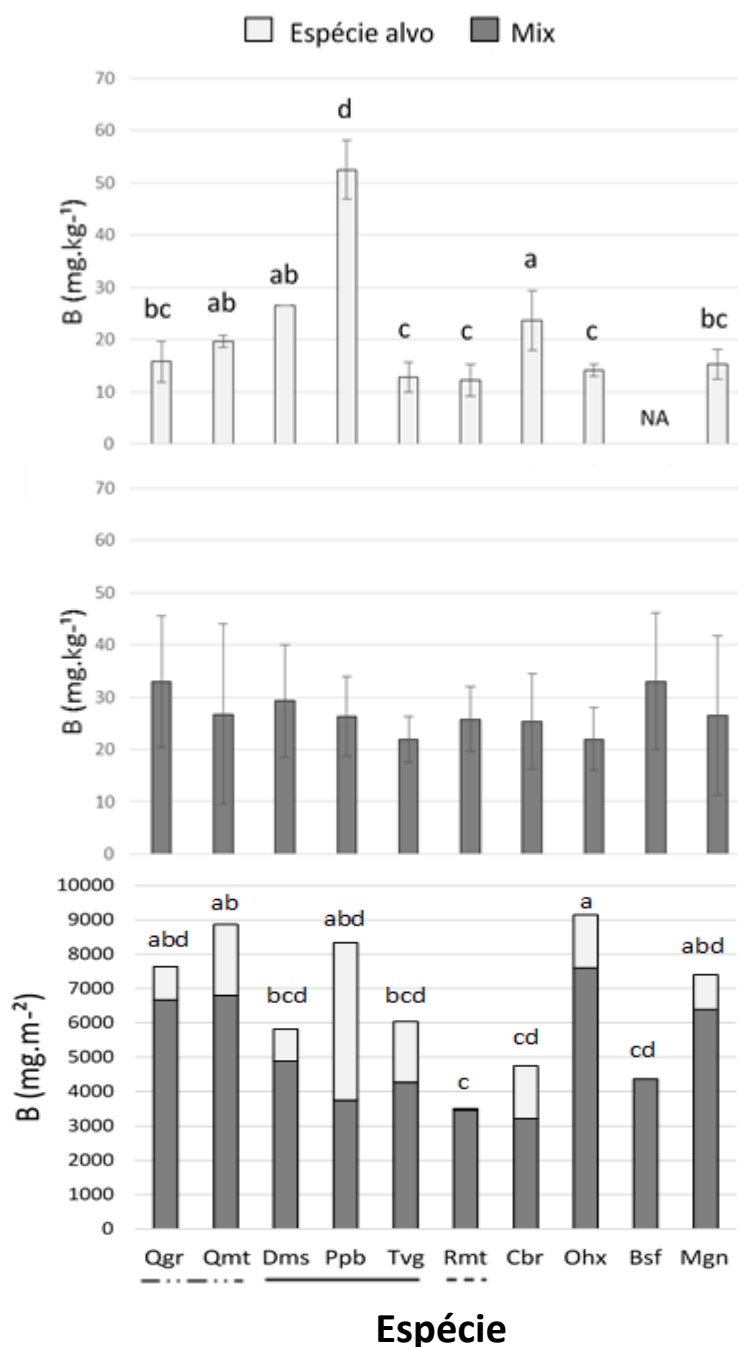


Figura 15. Concentrações e valores totais (estoques) de boro encontrados nas frações da serapilheira fina analisadas para as amostras coletadas na estação seca de 2015 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$). As barras verticais representam o desvio padrão ($n=10$ para todas as amostras, exceto para as folhas da espécie de Dms ($n=1$), Ppb ($n=2$) e Bsf que não foi analisada (NA). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

5.1.4. Composição nutricional do solo

As amostras de solo coletadas sob a área de influência das espécies arbóreas também foram analisadas quanto às concentrações de macro e micronutrientes.

Considerando os valores encontrados para a concentração de **fósforo disponível** na estação seca de 2015, as amostras se separaram em dois grupos principais, sendo um com médias variando entre 0,2 e 0,5 mg.kg⁻¹ composto pelas espécies *T. vulgaris*, *R. montana*, *B. salicifolius* e *M. guianensis* e o outro grupo com médias entre 0,6 e 1,2 mg.kg⁻¹ contendo as demais espécies. Na estação chuvosa, o padrão de diferenciação foi mantido, sendo que apenas as amostras de solo sob *R. montana* tiveram um valor médio significativamente diferente da estação seca, sendo de $1,4 \pm 1,4$ mg.kg⁻¹. A concentração de **fósforo remanescente** medida nas amostras coletadas na estação seca apresentou médias entre 10 e 12 mg.kg⁻¹ para as amostras de solo sob todas as espécies menos sob *T. vulgaris* que apresentou média de $13,4 \pm 1,5$ mg.kg⁻¹. As amostras sob *Q. multiflora*, *D. miscolobium*, *P. pubescens*, *B. salicifolius* e *M. guianensis* tiveram concentrações médias significativamente mais altas na estação chuvosa com valores entre 14 e 15 mg.kg⁻¹.

As concentrações de **enxofre** nas amostras de solo apresentaram padrão sazonal bastante marcado com todas as amostras coletadas na da chuva tendo médias inferiores a 0,5 mg.kg⁻¹, enquanto as concentrações em amostras coletadas na estação seca variaram entre $1,9 \pm 0,1$ mg.kg⁻¹ (*C. brasiliense* e *B. salicifolius*) e $3,4 \pm 0,6$ mg.kg⁻¹ (*M. guianensis*) (Figura 17).

As concentrações de **potássio trocável** variaram significativamente entre amostras sob as diferentes espécies na estação seca. A menor média foi encontrada nas amostras sob *T. vulgaris* com $18,8 \pm 3,0$ mg.kg⁻¹ e a maior média nas amostras sob *O. hexasperma* com $33,0 \pm 5,1$ mg.kg⁻¹. As amostras sob *P. pubescens* e *M. guianensis* tiveram concentrações médias de cerca de 35 mg.kg⁻¹ na estação chuvosa sendo significativamente mais altas que as médias encontradas para as mesmas espécies na seca (Figura 16). Em relação às concentrações de **cálcio trocável**, foi visto que, na estação seca, as amostras de solo sob *T. vulgaris* e *R. montana* apresentaram os menores valores, com médias entre 25 e 30 mg.kg⁻¹. As amostras coletadas na zona de influência de *Q. grandiflora*, *C. brasiliense* e *O. hexasperma* tiveram as maiores médias com valores próximos a 45 mg.kg⁻¹. As amostras sob *Q. multiflora*, *R. montana* e *B.*

salicifolius tiveram valores significativamente mais altos na estação chuvosa, variando entre 50 e 60 mg.kg⁻¹. As concentrações de **magnésio trocável** foram similares entre espécies e em ambas as estações com médias variando entre 10 e 15 mg.kg⁻¹. Apenas as amostras sob *O. hexasperma* apresentaram média significativamente inferior na comparação com as demais amostras coletadas na estação chuvosa (12,4 ± 2,5 mg.kg⁻¹).

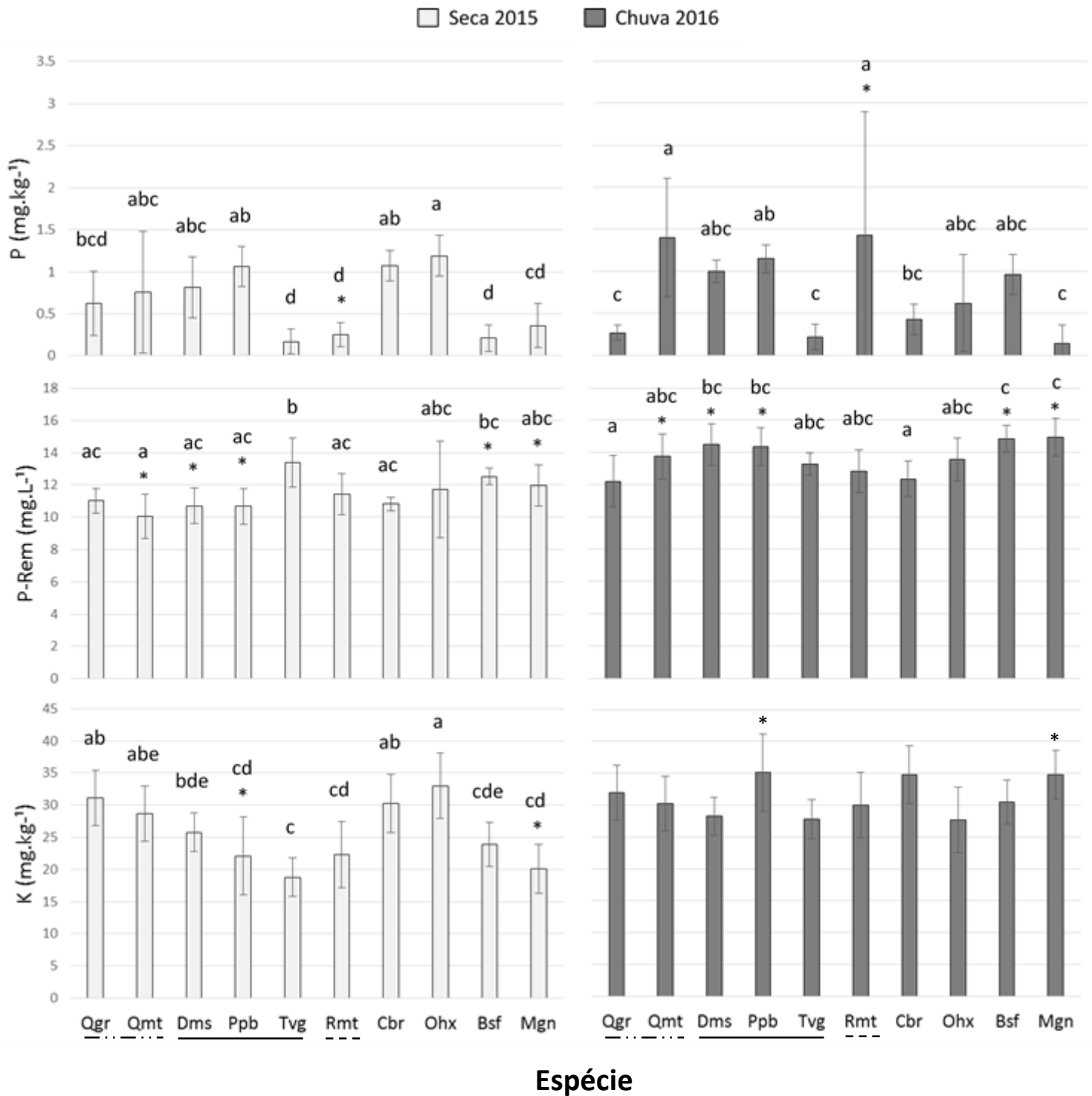


Figura 16. Concentrações de fósforo, fósforo remanescente (P-Rem) e potássio encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada.

Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

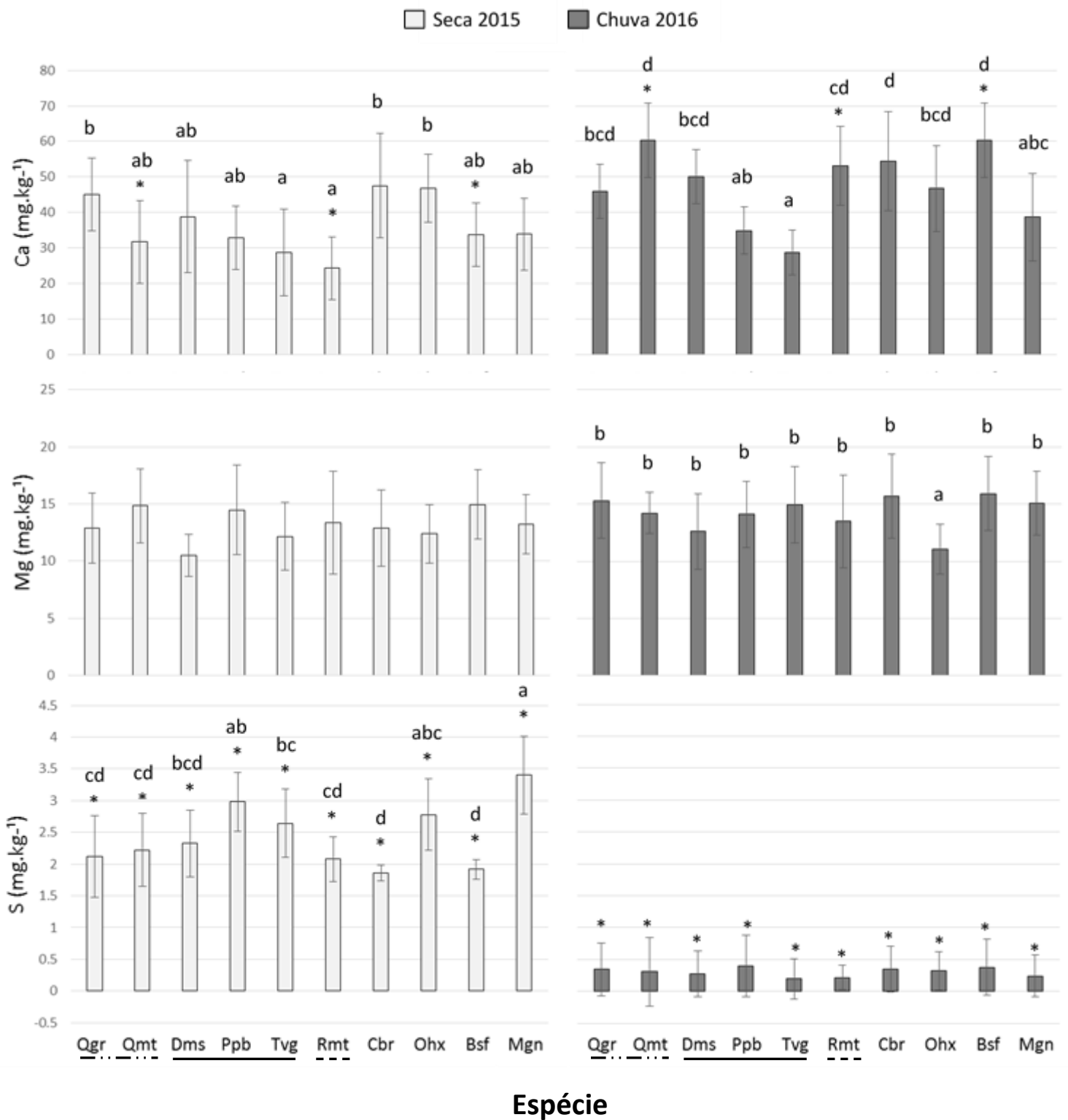


Figura 17. Concentrações de cálcio, magnésio e enxofre encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

As concentrações de nitrogênio inorgânico foram determinadas nas amostras de solo coletadas nas estações seca de 2015 e chuva de 2016. As concentrações de **nitrogênio nítrico** (N-NO₃⁻) foram relativamente baixas, com seu valor máximo sendo $0,36 \pm 0,15$ mg.kg⁻¹ na seca e mínimo de $0,14 \pm 0,05$ mg.kg⁻¹ na chuva, ambos medidos para a espécie *D. miscolobium* que foi a única a apresentar diferenças significativas entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 3,33$, $p < 0,05$). A comparação entre as espécies em cada estação separadamente, revelou que não há diferenças entre as concentrações de N-NO₃⁻ nas amostras de solo sob as diferentes espécies na estação seca (Figura 18.A). Por outro lado, na estação chuvosa os valores nas amostras sob espécies formaram três grupos distintos com *D. miscolobium* apresentando a menor média, seguida por *Q. grandiflora*, *P. pubescens* e *C. brasiliense* com valores intermediários, cerca de $0,25$ mg.kg⁻¹, e com as amostras sob demais espécies apresentando valores próximos a $0,30$ mg.kg⁻¹ (Figura 18.B).

As concentrações médias de **nitrogênio amoniacal** (N-NH₄⁺) foram mais altas que as de nitrogênio nítrico. A menor média foi determinada sob a espécie *Q. grandiflora* com valor de $2,78 \pm 1,89$ mg.kg⁻¹ e a maior média foi sob *B. salicifolius* com $8,79 \pm 2,76$ mg.kg⁻¹, ambas em amostras coletadas na estação chuvosa. As amostras de solo sob *Q. multiflora*, *T. vulgaris* e *R. montana* apresentaram valores significativamente mais altos de N-NH₄⁺ na estação chuvosa, quando comparados com os valores obtidos nas amostras de solo coletadas na estação seca (ANOVA medidas repetidas, $F = 4,72$, $p < 0,05$). A comparação entre as amostras coletadas sob diferentes espécies na estação seca, não revelou diferenças significativas entre as médias (Figura 18. C). Contudo, para as amostras coletadas na estação chuvosa (Figura 18.D), maiores concentrações de N-NH₄⁺ foram determinadas sob *T. vulgaris*, *R. montana* e *B. salicifolius* com médias superiores a $7,0$ mg.kg⁻¹ e a menor concentração média sob *Q. grandiflora* ($2,78 \pm 1,89$ mg.kg⁻¹).

As concentrações de **nitrogênio inorgânico total** estão correlacionados fortemente com as de nitrogênio amoniacal (teste de correlação de Pearson, $r = 0,99$, $p < 0,01$, $n = 10$), apresentando resultados semelhantes para as amostras coletadas em ambas estações (Figuras 18.E e 18.F). Nota-se, que as amostras coletadas na estação seca sob *T. vulgaris* ($4,73 \pm 1,75$ mg.kg⁻¹) apresentam concentrações de nitrogênio significativamente mais altas que as amostras sob *R. montana* ($3,20 \pm 0,52$ mg.kg⁻¹) (ANOVA, $F = 2,46$, $p < 0,05$).

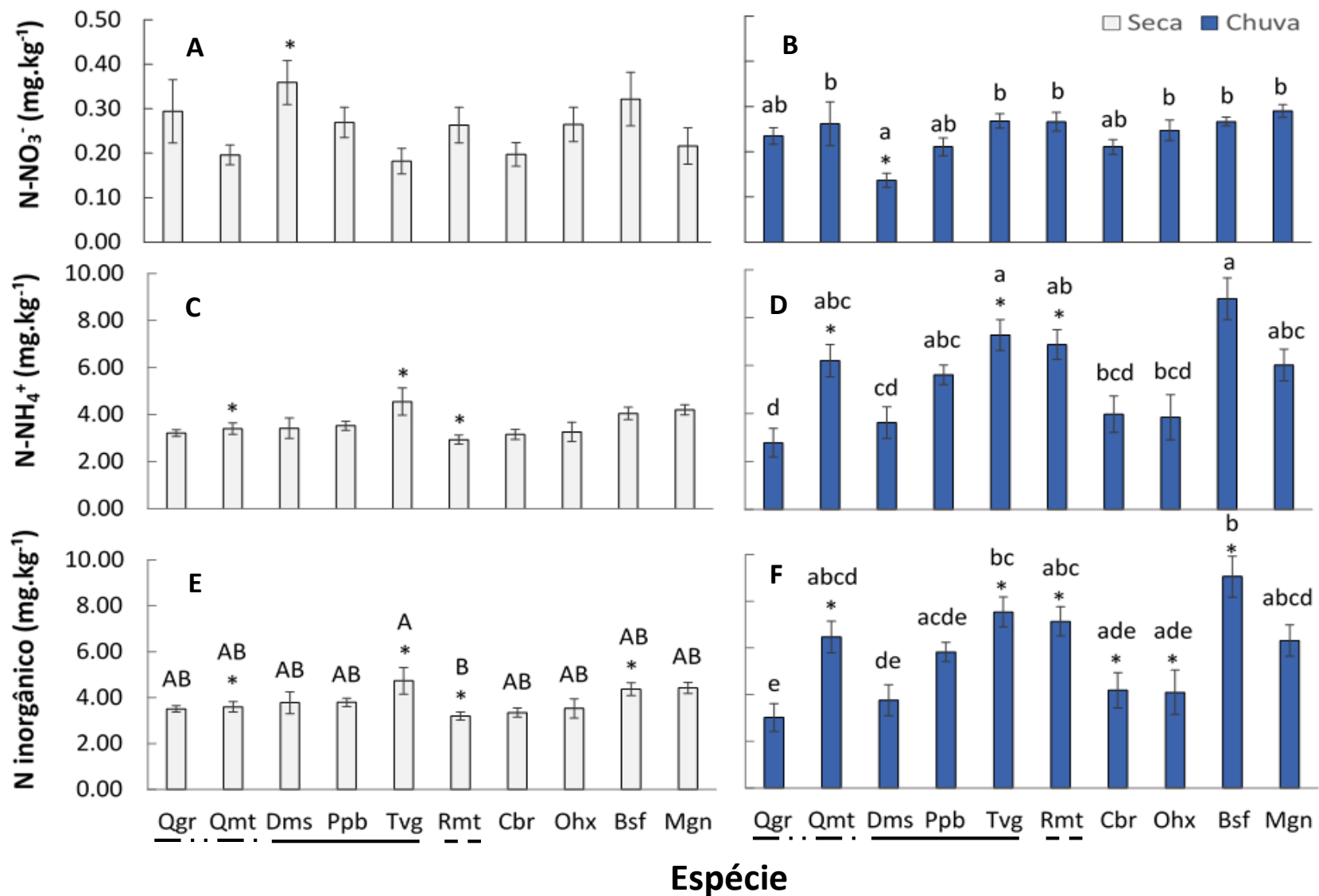
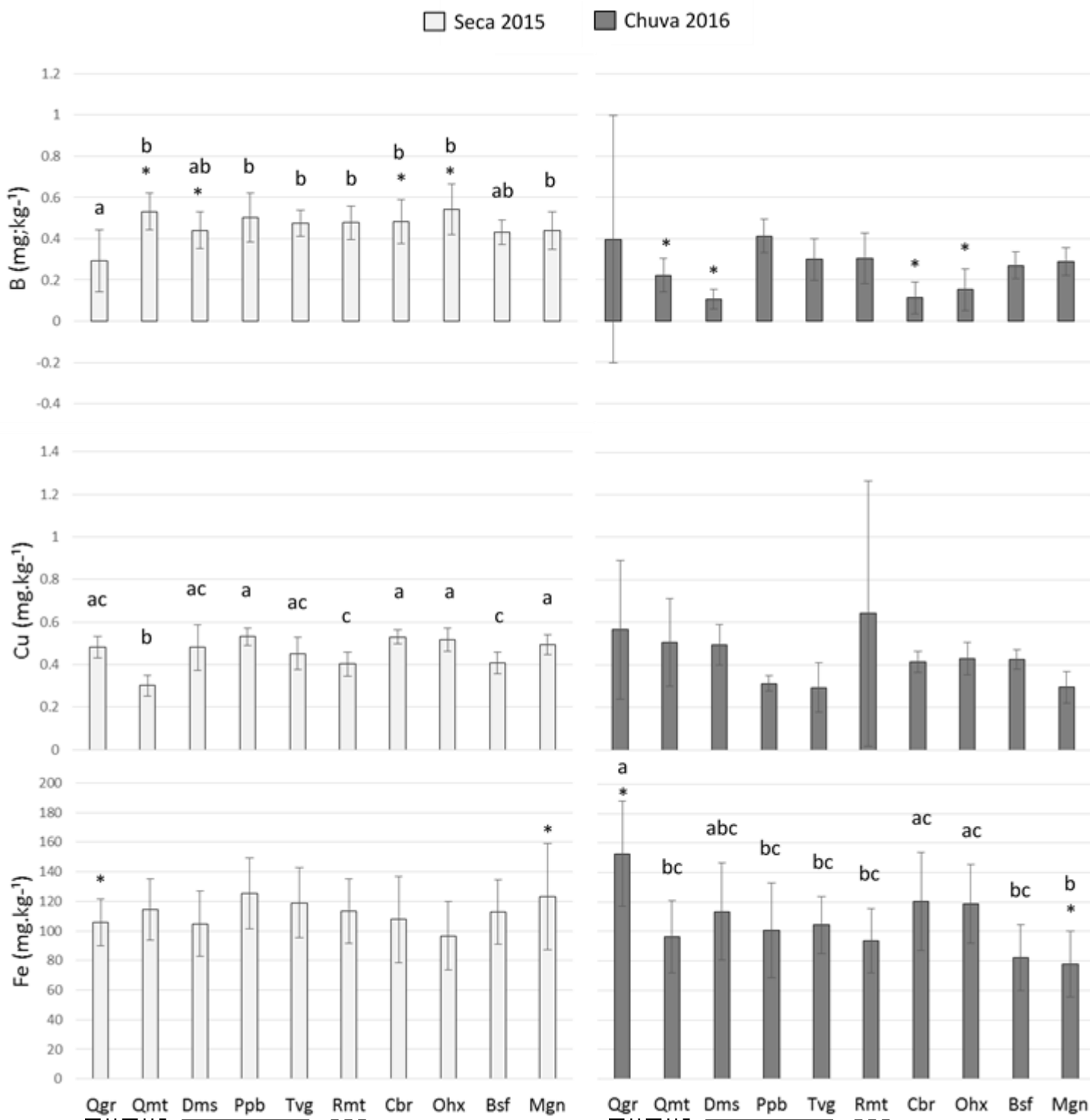


Figura 18. Medidas de nitrogênio presente na forma de nitrato (A e B), amônio (B e C) e nitrogênio inorgânico total (C e D) para amostras de solo coletadas no intervalo de 0 a 10 cm de profundidade sob a zona de influência de 10 espécies lenhosas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações seca de 2015 (coluna esquerda) e chuva de 2016 (coluna direita). As barras verticais indicam o erro padrão (n=10) e os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras de cada espécie na comparação das estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As letras indicam diferenças significativas (ANOVA, $p < 0,05$) entre as espécies em cada estação, sendo as maiúsculas para seca e as minúsculas para a chuva. As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

Em relação aos micronutrientes, somente as concentrações de **boro e cobre** diferiram significativamente entre as amostras de solos coletadas sob as diferentes espécies da estação seca. A concentração média de **boro** foi menor nas amostras sob *Q. grandiflora* ($0,3 \pm 0,1 \text{ mg.kg}^{-1}$) enquanto sob as demais espécies valores médios variaram entre 0,4 e 0,6 mg.kg^{-1} . Nas amostras coletadas na estação chuvosa, as concentrações de boro no solo variaram entre 0,1 e 0,4 mg.kg^{-1} , sendo que sob *Q. multiflora*, *D. miscolobium*, *C. brasiliense* e *O. hexasperma* as médias foram significativamente inferiores às da estação seca, variando entre 0,1 e 0,2 mg.kg^{-1} . A concentração de **cobre**, na amostra sob *Q. multiflora* coletada na estação seca foi significativamente inferior ($0,30 \pm 0,05 \text{ mg.kg}^{-1}$) relação às amostras sob outras espécies. As amostras coletadas sob *R. montana* e *B. salicifolius* tiveram médias intermediárias de cerca de 0,4 mg.kg^{-1} , enquanto sob as demais espécies as concentrações foram cerca de 0,6 mg.kg^{-1} . A concentração de cobre não diferiu significativamente entre as estações, tampouco entre as amostras sob diferentes espécies na estação chuvosa.

A concentração de **ferro** não diferiu significativamente na comparação das amostras coletadas na estação seca, com médias variando entre 100 e 120 mg.kg^{-1} . As amostras coletadas na estação chuvosa apresentaram diferenças significativas com a maior média encontrada sob *Q. grandiflora*, $152,8 \pm 34,0 \text{ mg.kg}^{-1}$, seguida por *C. brasiliense* e *O. hexasperma*, cerca de 120 mg.kg^{-1} . As concentrações médias sob as demais espécies foram inferiores, sendo as menores médias encontradas sob *B. salicifolius* e *M. guianensis* que tiveram concentrações próximas a 80 mg.kg^{-1} . As amostras sob *Q. grandiflora* e *M. guianensis* foram as únicas em que a concentração de ferro diferiu entre as estações, sendo a média mais elevada sob *Q. grandiflora* na estação chuvosa ($152,8 \pm 34,0 \text{ mg.kg}^{-1}$), enquanto sob *M. guianensis* a média foi mais elevada na estação seca ($123,3 \pm 36,0$) (Figura 19).

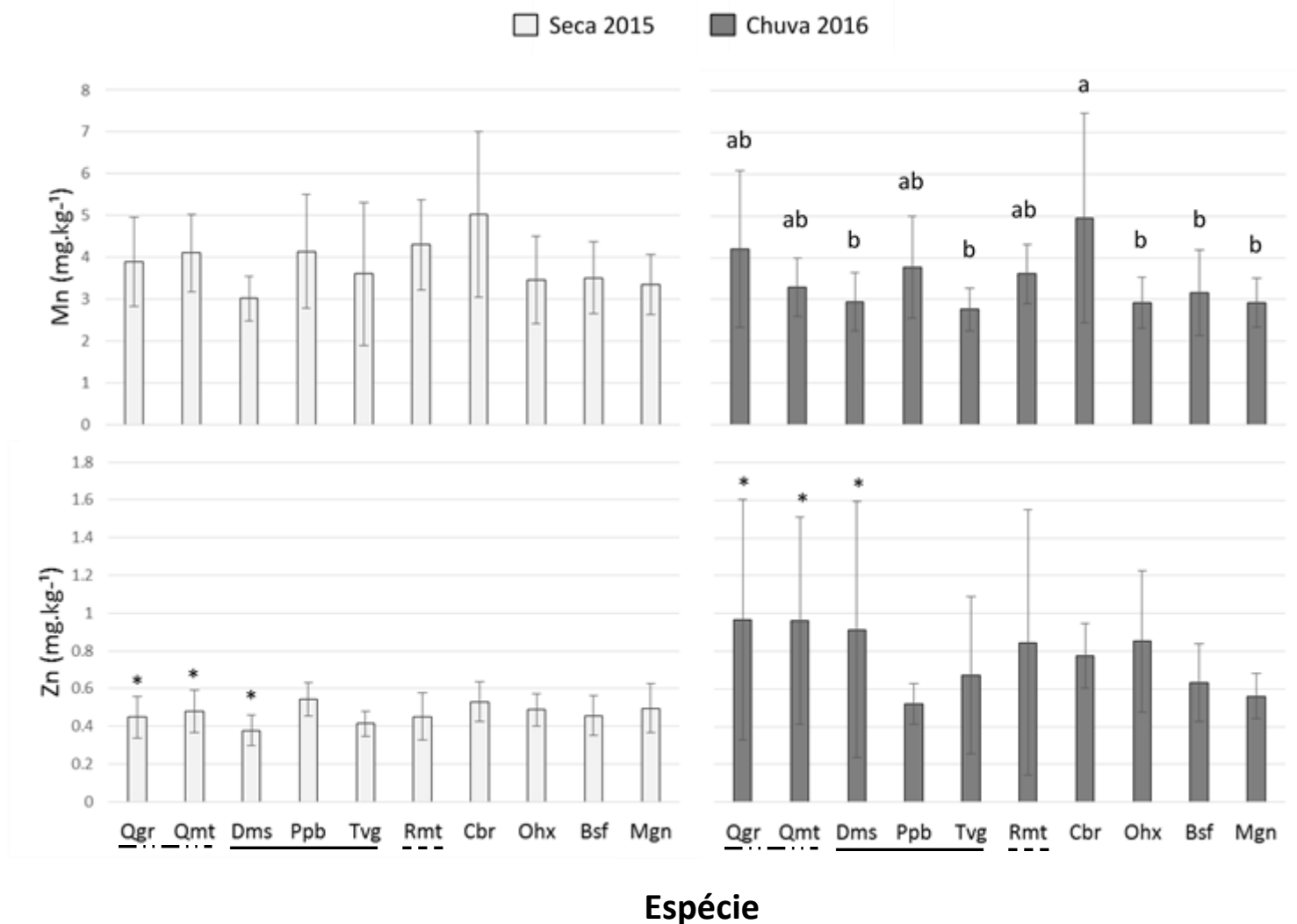


Espécie

Figura 19. Concentrações de boro, cobre e ferro encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

As médias da concentração de **manganês** variaram entre 3 e 5 mg.kg⁻¹ para todas as espécies amostradas e em ambas estações. Contudo, apenas na estação chuvosa as amostras sob diferentes espécies diferiram significativamente sendo divididas em três grupos (ANOVA, $p < 0,05$). A maior concentração média foi determinada sob *C. brasiliense* ($4,95 \pm 2,5$ mg.kg⁻¹). O segundo grupo foi composto por amostras coletadas sob *Q. grandiflora*, *Q. multiflora*, *P. pubescens* e *R. montana* que tiveram médias entre 3 e 4 mg.kg⁻¹. As amostras sob demais espécies tiveram médias em torno de 3 mg.kg⁻¹.

A concentração de **zinco** não apresentou diferenças na comparação entre as amostras coletadas sob as diferentes espécies, nem na estação seca, com médias entre 0,4 e 0,6 mg.kg⁻¹, nem na estação chuvosa, com médias entre 0,5 e 1,0 mg.kg⁻¹. As concentrações nas amostras sob as espécies do gênero *Qualea* e sob *D. miscolobium* na estação chuvosa foram significativamente superiores em relação às coletadas na estação seca (Figura 20).



Espécie

Figura 20. Concentrações de manganês e zinco encontradas nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

A **capacidade de troca catiônica** efetiva a pH 7,0 medida nas amostras de solo coletadas na estação seca foi menor sob *Q. grandiflora* e *D. Miscolobium* (cerca de 12 $\mu\text{mol.kg}^{-1}$), com valores intermediários para as amostras sob *C. brasiliense*, *O. hexasperma* e *B. salicifolius*, entre 13 e 14 $\mu\text{mol.kg}^{-1}$, e sob as demais espécies com médias de 14 $\mu\text{mol.kg}^{-1}$. As amostras coletadas sob as espécies *P. pubescens*, *T. vulgaris*, *R. montana*, *B. salicifolius* e *M. guianensis* tiveram valores significativamente mais altos na estação seca, em relação às médias das amostras coletadas na estação chuvosa, que ficaram em torno de 11 e 12 $\mu\text{mol.kg}^{-1}$. As demais médias da estação chuvosa ficaram em cerca de 12 $\mu\text{mol.kg}^{-1}$, excetuando-se sob *C. brasiliense* e *O. hexasperma* que tiveram médias mais altas próximas a 13 $\mu\text{mol.kg}^{-1}$.

Os valores de **matéria orgânica do solo** foram de cerca de 80 g.kg^{-1} sob todas as espécies em ambas estações. Nota-se que, na estação seca, não há diferenças entre as espécies, enquanto que, na chuva, a comparação entre as espécies revelou que amostras sob *Q. multiflora*, *C. brasiliense* e *O. hexasperma*, apresentaram valores significativamente mais altos, tendo médias de cerca de 85 mg.kg^{-1} (Figura 21).

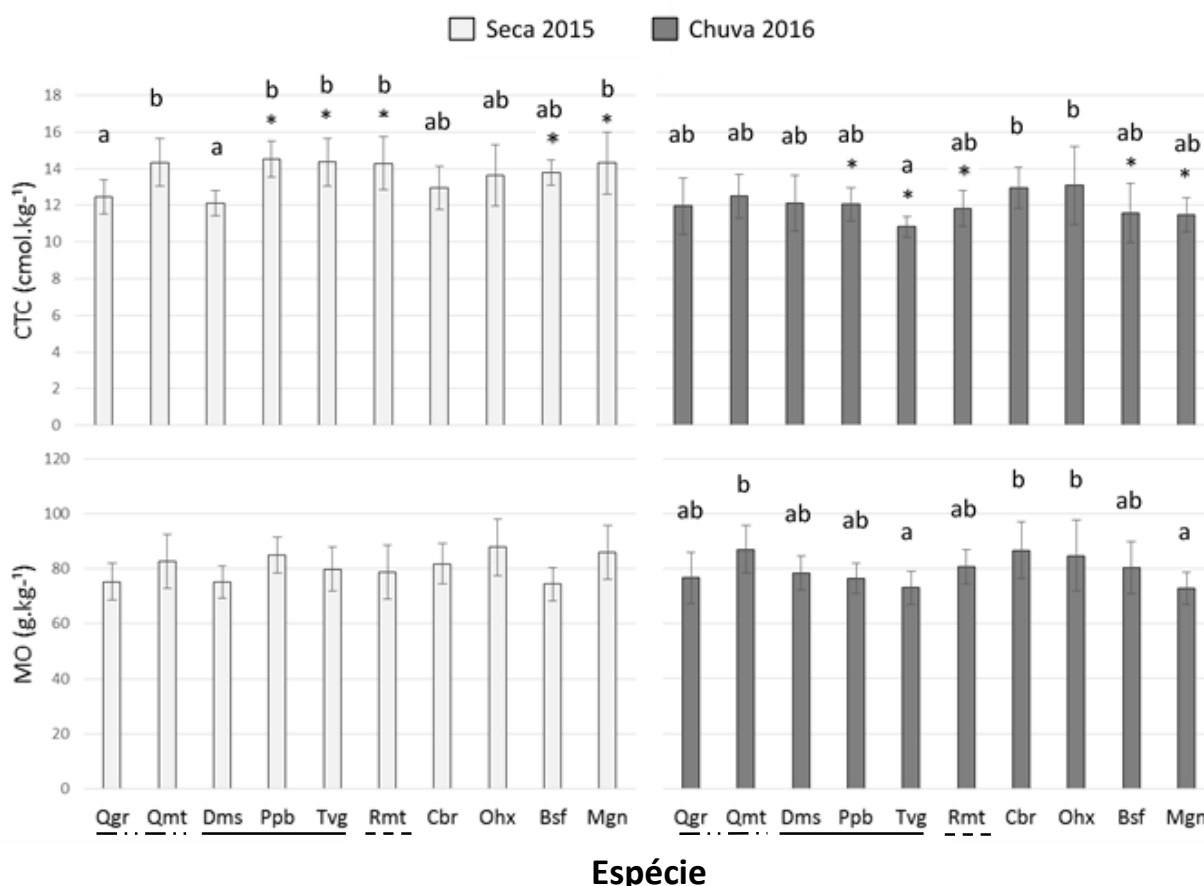


Figura 21. Capacidade de troca catiônica em pH 7,0 (CTC) e concentração de matéria orgânica das nas amostras de solo das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 na Reserva Ecológica do IBGE. As amostras foram coletadas na zona de influência de 10 espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As letras indicam diferenças significativas entre as espécies (ANOVA, $p < 0,05$) e os asteriscos as diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

5.1.5. Características físico-químicas do solo

O conteúdo de água no solo diferiu significativamente entre as estações, sendo os maiores valores encontrados durante a estação chuvosa sob todas as espécies estudadas (Figura 22). Na estação seca de 2015, os teores gravimétricos de água variaram entre $28,1 \pm 1,5\%$, sob *M. guianensis*, e $29,7 \pm 1,4\%$, para os solos coletados na zona de influência de *O. hexasperma*. Na estação chuvosa de 2016, a média mais baixa também foi encontrada nos solos coletados sob *M. guianensis* com valor médio de $38,2 \pm 1,6\%$, enquanto que a média mais alta foi determinada nas amostras sob *Q. multiflora* com $46,4 \pm 2,6\%$. Não houve diferença significativa entre as amostras sob as diferentes espécies em nenhuma das estações.

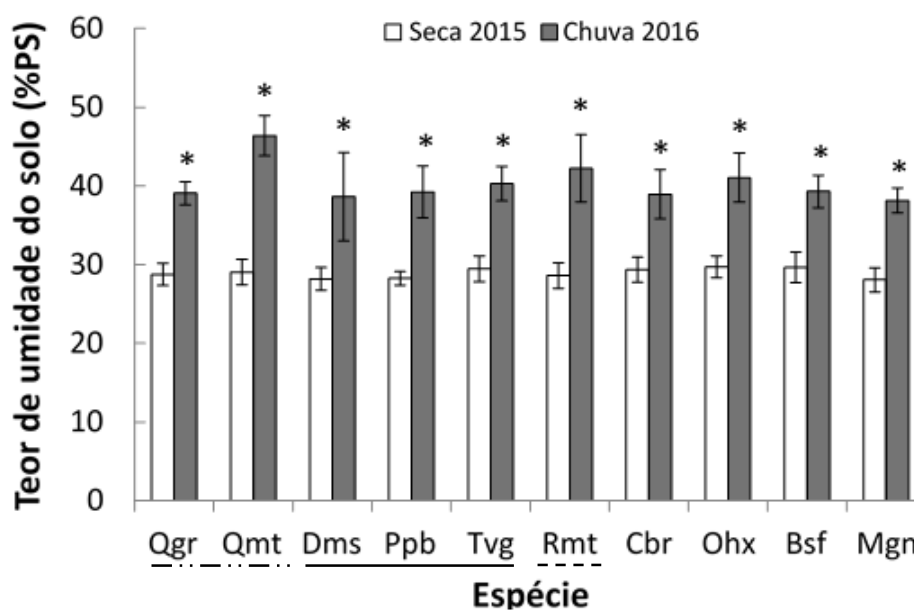


Figura 22. Teor de umidade obtido para as amostras de solo coletadas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações seca de 2015 e chuvosa de 2016. Os solos foram coletados na zona de influência de 10 espécies lenhosas a uma profundidade de 0 a 10 cm. As barras verticais indicam o desvio padrão das médias (n=10) e os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras de cada espécie na comparação das estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 4,57$, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

Os valores de pH do solo em água variaram entre $4,68 \pm 0,14$ e $5,88 \pm 0,12$ ambos sob *P. pubescens* nas estações seca e chuvosa, respectivamente. Já o pH do solo em KCl teve valor mínimo de $3,80 \pm 0,08$, sob *O. hexasperma* na estação seca, e máximo de $4,75 \pm 0,05$, sob *P. pubescens* na estação chuvosa. Como esperado, os valores de pH em água foram superiores aos encontrados em KCl 1M para todas as amostras coletadas (Figura 23).

Não houve diferença significativa para os valores de pH em água e KCl de amostras de solo coletadas sob diferentes espécies na estação seca de 2015. Contudo, os valores obtidos em amostras coletadas sob diferentes espécies durante a estação chuvosa de 2016 diferiram significativamente. Em relação aos valores de pH em água, observa-se a divisão em três grupos onde amostras sob *Q. grandiflora*, *C. brasiliense* e *O. hexasperma* apresentam as menores médias (em torno de 4,8), sob *Q. multiflora*, *D. miscolobium*, *T. vulgaris*, *R. montana* e *B. salicifolius* apresentam valores de pH intermediários (em torno de 5,0) e, por fim, sob *P. pubescens* e *M. guianensis* apresentam os maiores valores de pH em água (em torno de 6,0) (Figura 23.A). De modo análogo, os valores de pH em KCl 1M também se diferenciam em três grupos com composição semelhante: sob *Q. grandiflora*, *C. brasiliense* e *O. hexasperma* apresentam as menores médias (em torno de 4,0), sob *Q. multiflora* e *D. miscolobium* possuem valores intermediários (em torno de 4,4) e sob as demais espécies apresentam médias mais altas com valores de pH próximos a 5,0 (figura 23.B).

Na comparação entre as amostras sob uma mesma espécie nas duas estações, tem-se que a maioria delas possui valores significativamente superiores na estação chuvosa de 2016, excetuando-se sob *O. hexasperma* que teve o pH em água mais alto na seca e sob *Q. grandiflora* e *C. brasiliense* que apresentaram esse padrão tanto para o pH em água como em pH KCl.

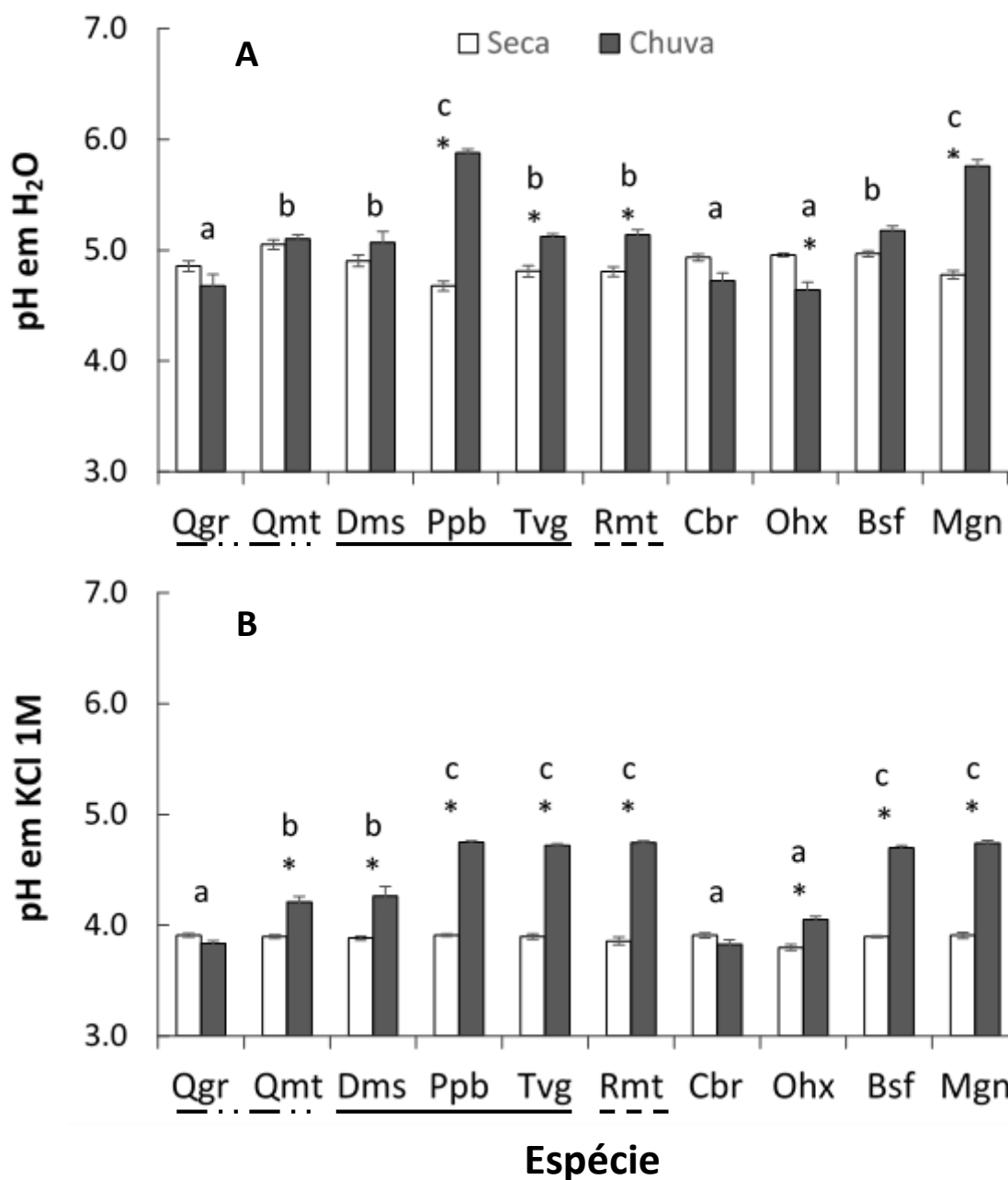


Figura 23. Medidas de pH em H₂O (A) e KCl 1M (B) para as amostras de solo coletadas na zona de influência de 10 espécies vegetais no intervalo de 0 a 10cm de profundidade do solo. As coletadas foram realizadas na Reserva Ecológica do IBGE nas estações seca de 2015 e chuva de 2016. As cores diferenciam as estações e as barras verticais representam o erro padrão às médias (n=10). Os asteriscos indicam diferenças significativas entre as amostras de cada espécie na comparação das estações (ANOVA de medidas repetidas, $p < 0,05$), enquanto que as letras indicam diferenças significativas (ANOVA, $p < 0,05$) entre as espécies para os valores obtidos na estação chuvosa. As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

5.2. Atividade microbiológica do solo

5.2.1. Biomassa microbiana

O carbono alocado na biomassa microbiana foi determinado nas amostras de solo coletadas na seca 2015 e na chuva de 2016 (Figura 24). As amostras sob as espécies *Q. multiflora*, *D. miscolobium* e *T. vulgaris*, apresentaram os menores valores de biomassa microbiana com menos de 200mg de C.kg⁻¹ de solo. Já as amostras sob espécies *B. salicifolius* e *R. montana* apresentaram os maiores valores, sendo as médias da estação seca superiores a 500mg de C.kg⁻¹ de solo e as médias das amostras da estação chuvosa iguais ou superiores a 600 mg de C.kg⁻¹ de solo. As amostras sob as demais espécies apresentam valores intermediários com médias variando entre 200 e 500mg de C.kg⁻¹ de solo. Os valores de biomassa microbiana comparados em cada estação não apresentaram diferenças significativas. Somente as amostras coletadas sob a espécie *P. pubescens* diferiram significativamente entre as estações, com um maior valor encontrado na estação seca (416 ± 59mg de C.kg⁻¹ de solo).

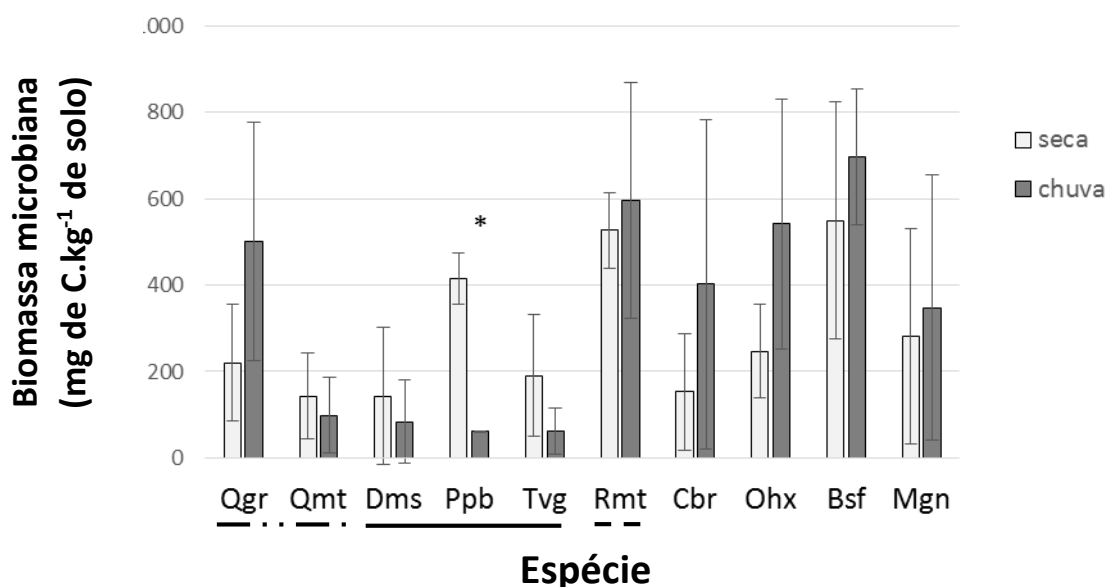


Figura 24. Biomassa microbiana presente nas amostras de solo coletadas nas estações seca de 2015 e chuva de 2016 na zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As barras verticais indicam o desvio padrão (n=3). O asterisco indica diferença significativa entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações. As espécies foram ordenadas considerando grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

5.2.2. Atividade enzimática extracelular

A atividade das enzimas extracelulares fosfatase ácida e β -glicosidase foi medida em todas as amostras de solo coletadas nas estações seca de 2015 e chuvosa de 2016. A atividade da fosfatase ácida apresentou um padrão sazonal marcado com menor atividade na estação chuvosa em comparação com as amostras da estação seca para todas as espécies. Na estação chuvosa, os valores não diferiram significativamente entre as amostras analisadas, sendo suas médias próximas a 100 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo. Em contraste, os valores de atividade medidos na estação seca foram superiores a 200 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo em todas as amostras, exceto nas amostras sob *Q. grandiflora* que apresentaram o mesmo nível atividade média observado na estação chuva. Sob as espécies *Q. multiflora* e *R. montana* observaram-se as maiores médias da estação seca com cerca de 300 μg de p-nitrofenol. g^{-1} medido no solo rizosférico. As leguminosas formaram um grupo significativamente distinto das demais espécies com médias próximas a 250 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo. Outro grupo foi formado pelas amostras sob *C. brasiliense*, *O. hexasperma*, *B. salicifolius* e *M. guianensis* com média variando entre 200 e 250 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo (Figura 25).

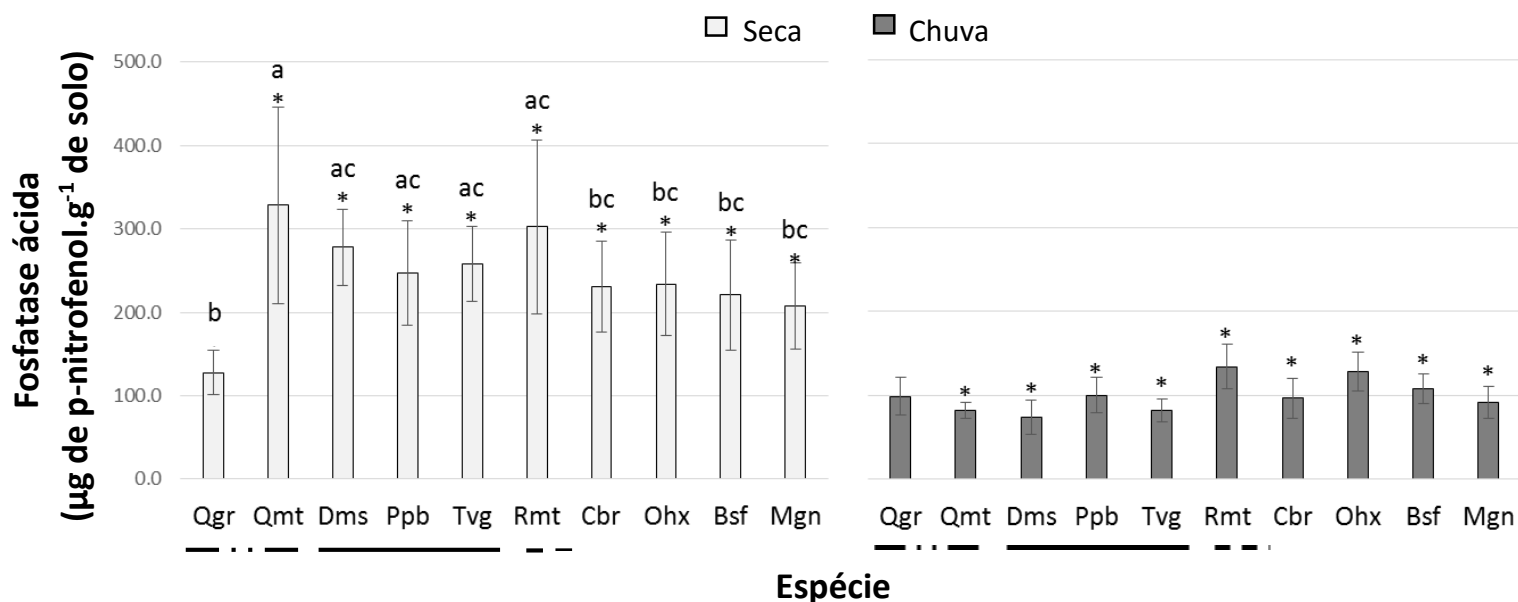


Figura 25. Atividade da enzima fosfatase ácida no solo coletado nas estações seca de 2015 (esquerda) e chuva de 2016 (direita) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm dentro da zona de influência de 10 espécies lenhosas na Reserva Ecológica do IBGE. As barras verticais indicam o erro padrão (n=10). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies na estação seca e os asteriscos indicam diferenças entre as amostras da mesma espécie na comparação entre as estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 6,98$, $p < 0,05$) As espécies foram ordenadas por grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteacea por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

Os valores médios de atividade da enzima β -glicosidase foram mais baixos em relação aos determinados para a enzima fosfatase ácida. Observou-se que a atividade desta enzima teve valores médios entre 5 e 10 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo na estação seca, sendo que não houve diferença significativa entre as espécies (ANOVA, $F = 2,46$, $p < 0,05$) Apenas os solos sob *D. miscolobium* apresentaram diferença significativa entre as amostras coletadas nas estações seca e chuvosa (Figura 26). Na estação chuvosa, a menor atividade média foi encontrada sob espécie *D. miscolobium* na seca ($5,2 \pm 1,5 \mu\text{g}$ de p-nitrofenol. g^{-1} de solo). Já a maior atividade média foi determinada sob *Q. multiflora* nas amostras da estação chuvosa ($12,7 \pm 1,7 \mu\text{g}$ de p-nitrofenol. g^{-1} de solo). As amostras sob *T. vulgaris* e *R. montana* apresentaram médias similares com valores próximos a 7,5 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo enquanto sob *Q. multiflora* e *P. pubescens*, a atividade média também foi similar e próxima a 12,0 μg de p-nitrofenol. g^{-1} de solo.

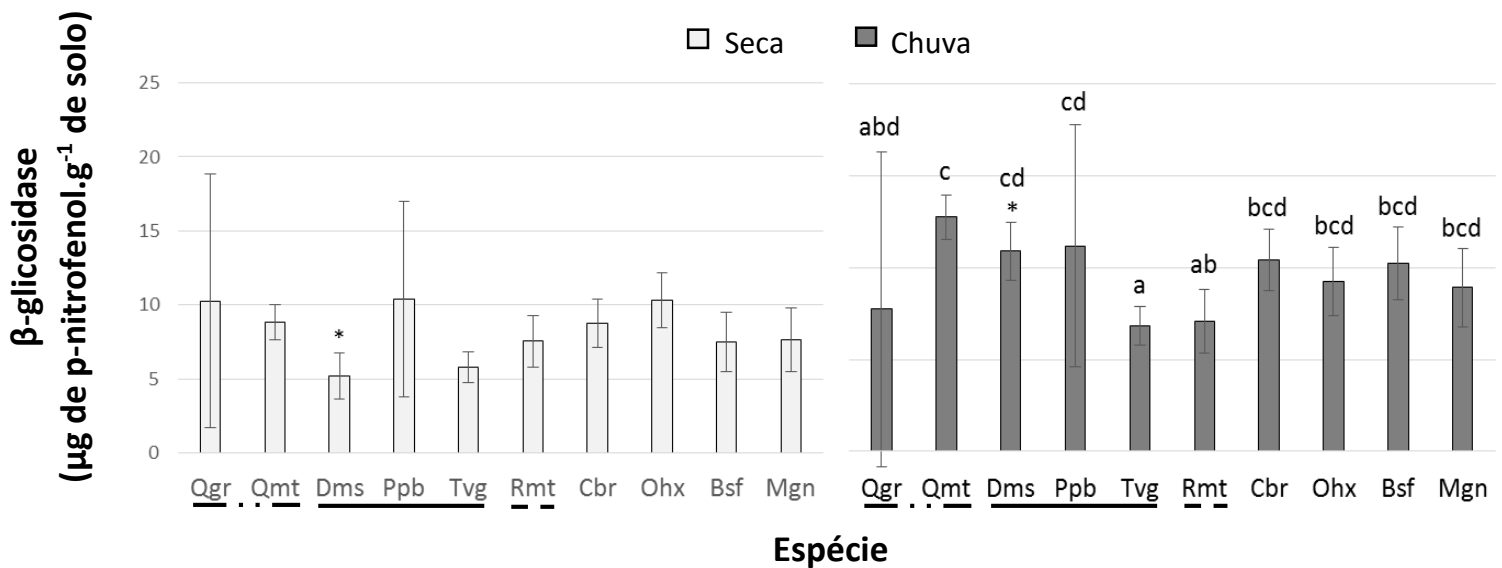


Figura 26. Atividade da enzima β -glicosidase no solo coletado nas estações seca de 2015 (esquerda) e chuva de 2016 (direita) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm dentro da zona de influência de 10 espécies lenhosas da Reserva Ecológica do IBGE. As barras verticais indicam o erro padrão ($n=10$). As letras indicam diferenças significativas entre as espécies para as duas estações (ANOVA de medidas repetidas, $F = 2,92$, $p < 0,05$). As espécies foram ordenadas por grupos funcionais com as acumuladoras de alumínio indicadas por uma linha tracejada intermitente, as leguminosas por uma linha contínua e a Proteaceae por uma linha tracejada. Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvlg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*.

5.2.3. Estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares sob diferentes espécies vegetais

As análises moleculares realizadas pelo método PCR-DGGE buscaram avaliar a estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares (FMAs) no solo sob a influência das dez espécies vegetais estudadas. Inicialmente foram comparadas as amostras das estações seca de 2015 e chuvosa de 2016 para cada espécie.

As amostras de solo sob as espécies do gênero *Qualea* mostraram um forte padrão sazonal com a separação nítida dos perfis das comunidades de FMAs em função das estações. As amostras sob *Q. grandiflora* se agruparam com cerca de 60% de similaridade formado pelas amostras da estação seca e outro formado pelas amostras da estação chuvosa com 57% de similaridade (Figura 27). As amostras sob *Q. multiflora* apresentaram um resultado semelhante com as amostras coletadas na seca apresentando 65% de similaridade e aquelas coletadas na estação chuvosa uma 68% de similaridade (Figura 28).

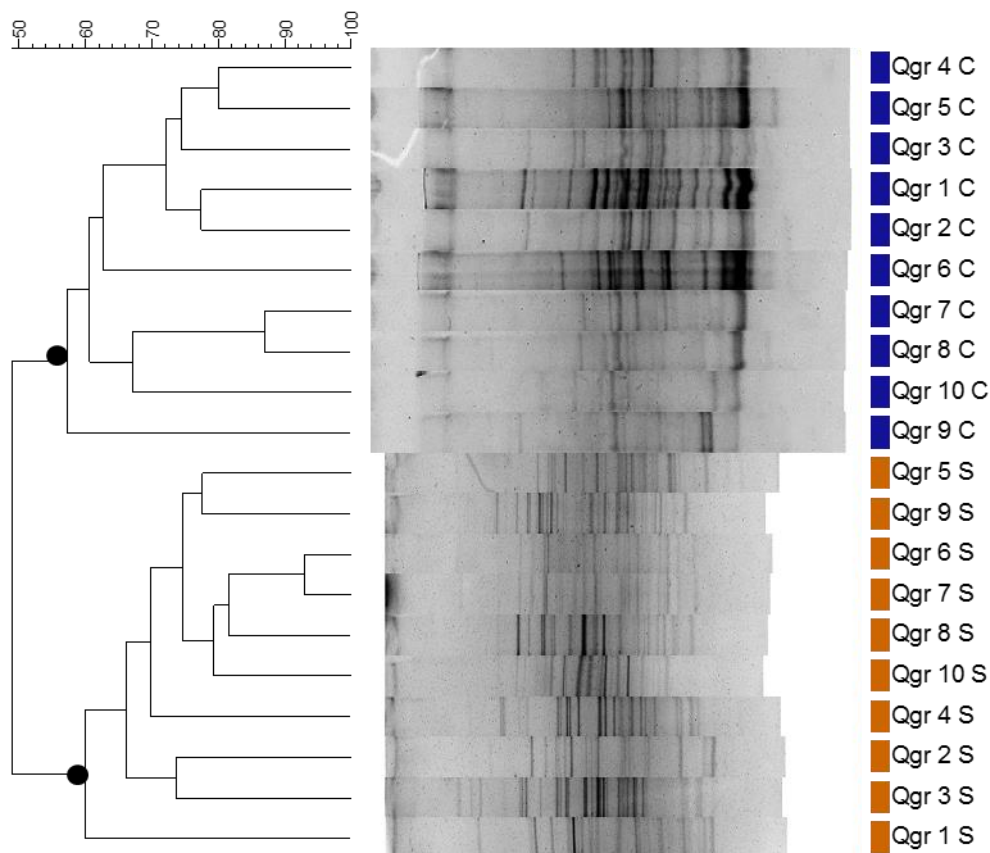


Figura 27. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *Q. grandiflora* (Qgr) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranjada e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

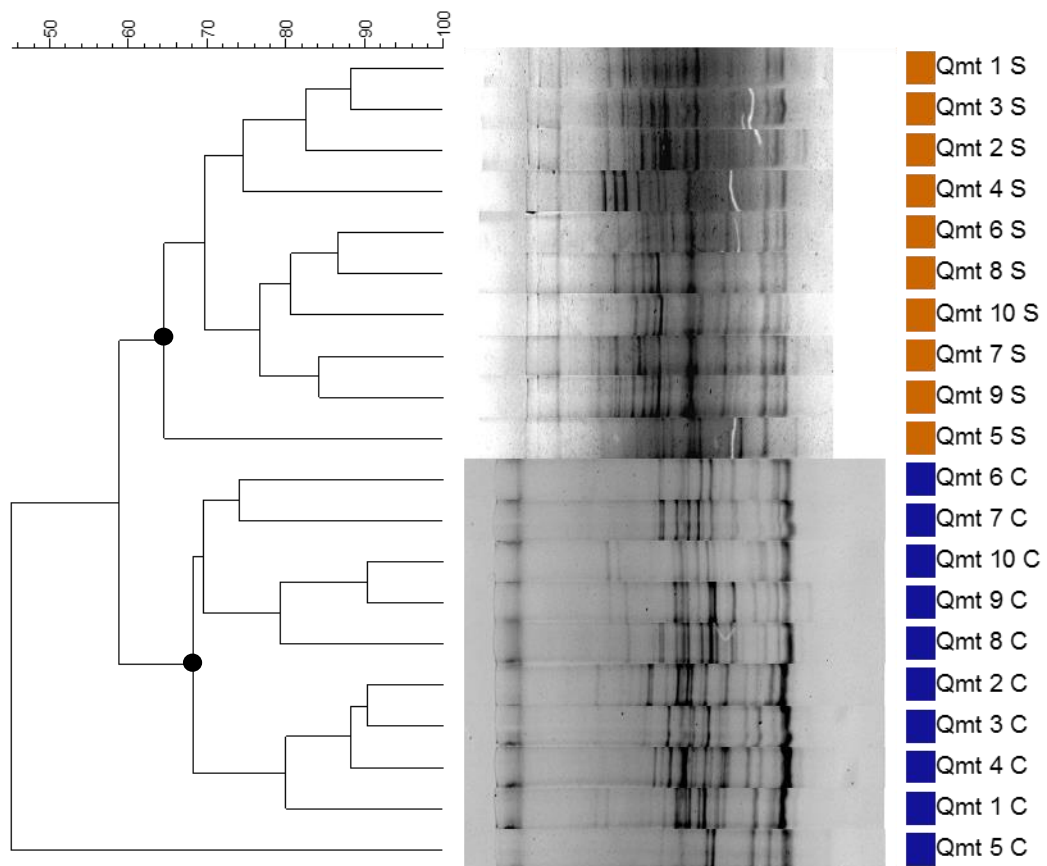


Figura 28. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *Q. multiflora* (Qmt) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

No caso das amostras coletadas sob *D. miscolobium*, observou-se a formação de um *cluster* que agrupou a maior parte das amostras da estação seca com 61% de similaridade enquanto as amostras da chuva formaram dois grupos. Um deles apresentou 51% de similaridade com o *cluster* da seca e 62% entre as amostras que o compõem. O segundo grupo foi formado por amostras coletadas sob a maioria dos indivíduos na estação chuvosa com similaridade de 47%. Cabe notar que a uma das amostras coletada na estação chuvosa (Dms 4 C) não apresentou nenhuma banda. As amostras sob *P. pubescens* (Figura 29) também formaram um grupo com as amostras da estação seca, porém a similaridade entre suas amostras foi relativamente baixa, cerca de 39% (Figura 30). Em contraponto, é importante destacar que apenas duas amostras coletadas na zona de influência dessa espécie vegetal apresentaram bandas na estação chuvosa (Ppb 1 C e Ppb 3 C). A última leguminosa avaliada foi a espécie *T. vulgaris*. As amostras de solo sob essas espécies seguiram o padrão das demais espécies do mesmo grupo funcional (qual?), formando um agrupamento com os indivíduos da seca que tiveram uma similaridade alta estimada em 72% (Figura 31). As amostras da estação chuvosa, por sua vez, apresentaram 59% de similaridade entre si e destaca-se que duas amostras dessa estação não apresentaram bandas (Tvg 1 C e Tvg 9 C). Observa-se que as amostras sob as três espécies leguminosas possuem mais bandas nas amostras da estação seca.

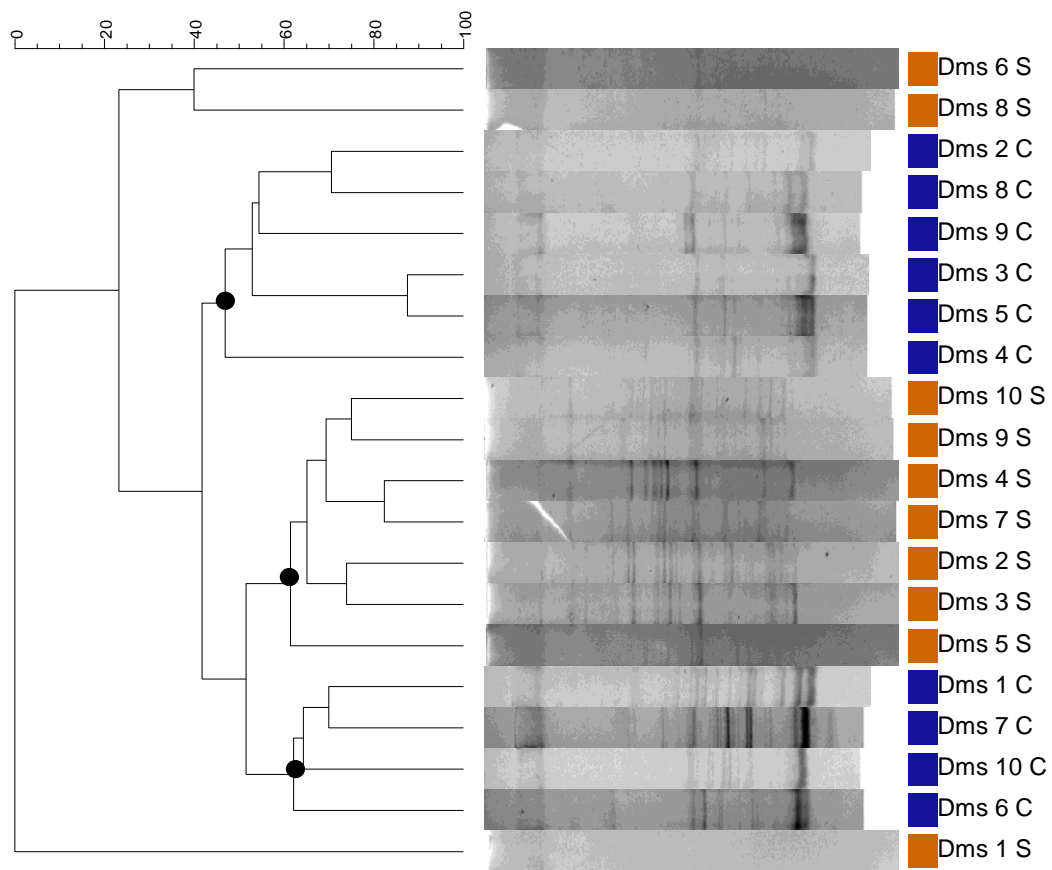


Figura 29. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *D. miscolobium* (Dms) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranjada e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

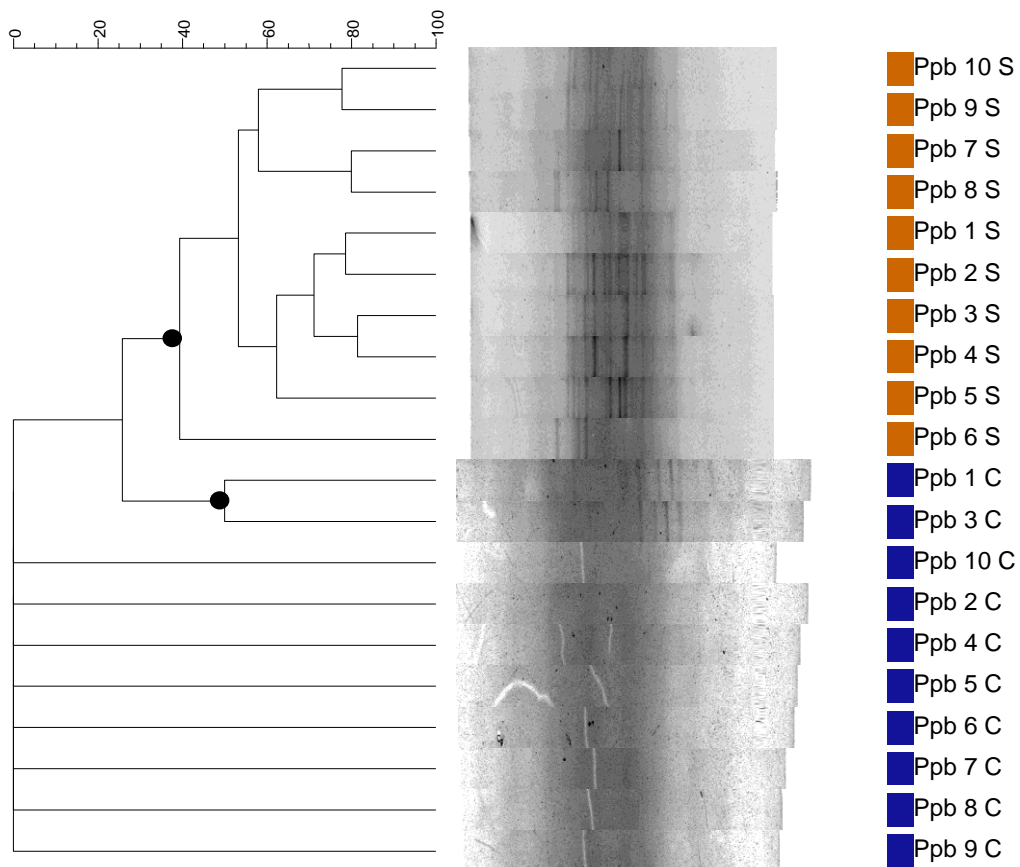


Figura 30. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *P. pubescens* (Ppb) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos

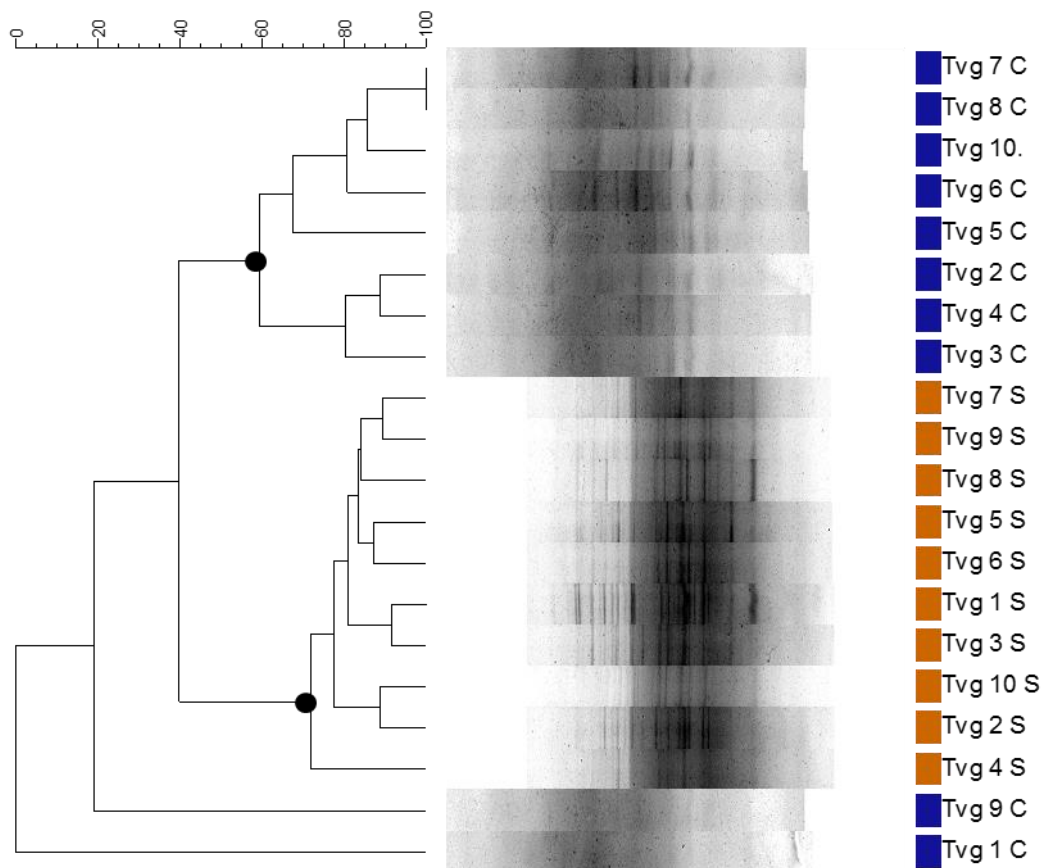


Figura 31. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *T. vulgaris* (Tvg) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranjada e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

As espécies *R. montana* e *C. brasiliense* apresentaram agrupamentos com características parecidas, onde todas as mostras da seca formaram um grupo único com 65% e 62% de similaridade, respectivamente, ao passo que as amostras da chuva se agruparam em dois *clusters* distintos com similaridades entre 50 e 60% (Figuras 32 e 33).

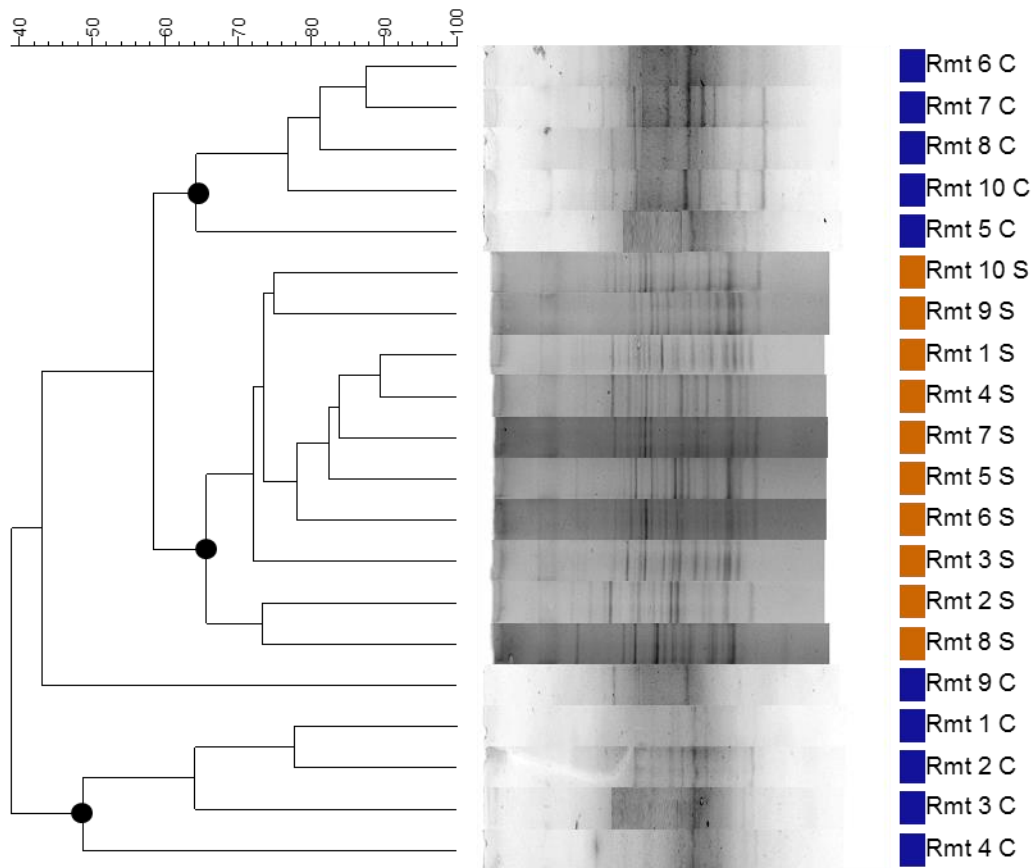


Figura 32. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *R. montana* (Rmt) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

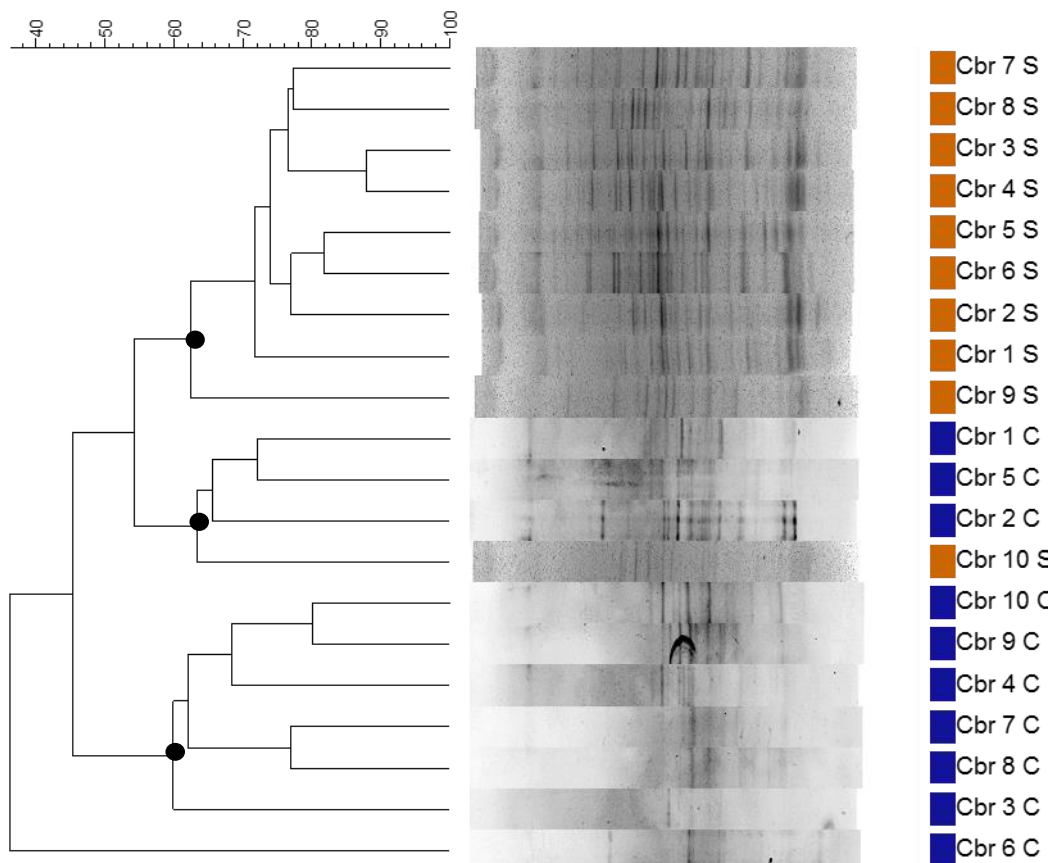


Figura 33. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *C. brasiliense* (Cbr) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

As amostras de solo sob *O. hexasperma* apresentaram um padrão sazonal semelhante ao encontrado naquelas sob as espécies do gênero *Qualea*, com a separação consistente das amostras coletadas na chuva, com 55% de similaridade, em relação às da seca que tiveram 39% de similaridade (Figura 34).

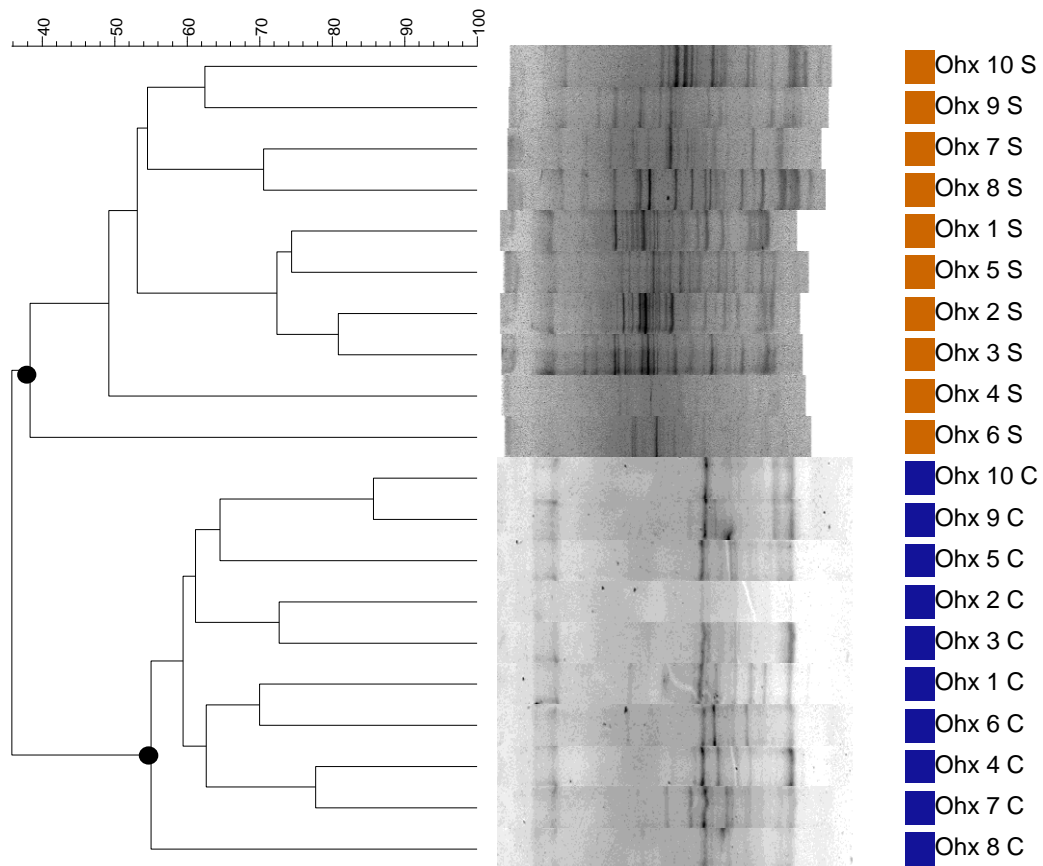


Figura 34. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *O. hexasperma* (Ohx) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

As comunidades de FMAs das amostras de solo sob *B. salicifolius* apresentaram um resultado único entre as espécies avaliadas pois não houve separação clara entre as amostras coletadas nas diferentes estações (Figura 35). A similaridade total para as amostras foi de aproximadamente 50%.

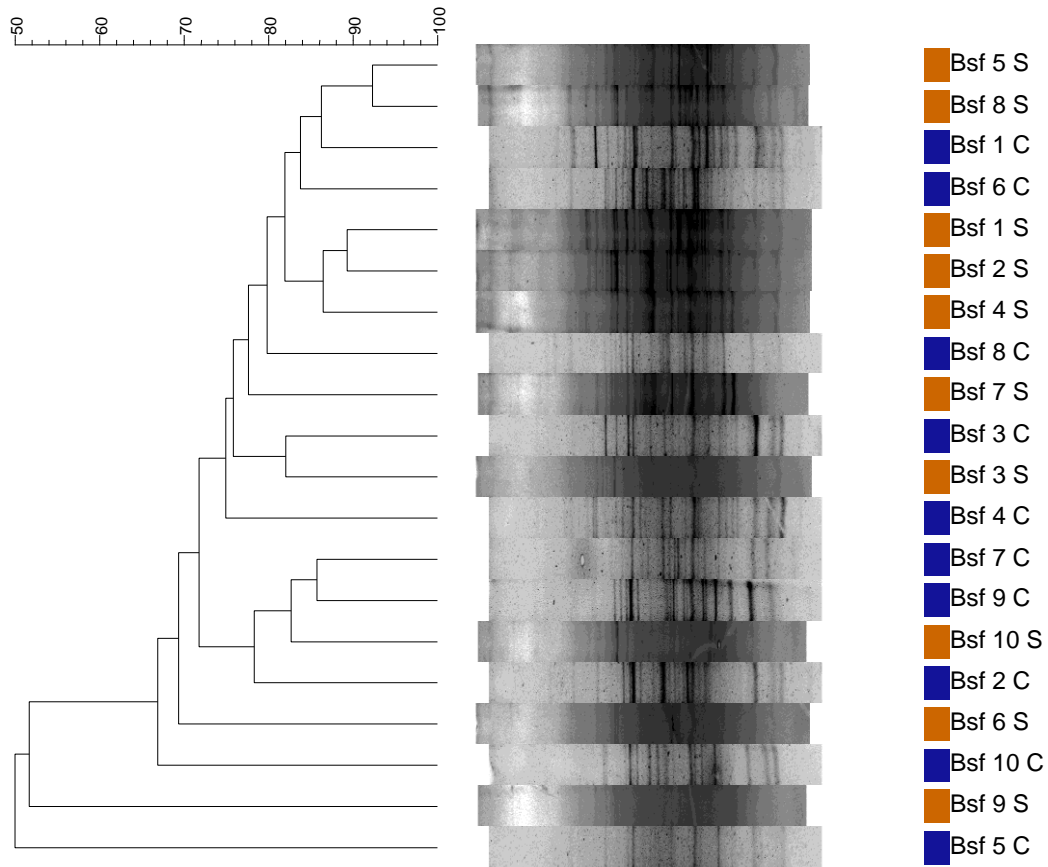


Figura 35. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *B. salicifolius* (Bsf) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

A análise das amostras sob a espécie *M. guianensis* mostrou a formação de um grupo composto por sete amostras coletadas na estação seca com similaridade aproximada de 64% (Figura 36). As outras três amostras dessa estação apresentaram relativamente poucas bandas e tiveram similaridade de 100% (Mgn 1, 3 e 8 S). Observa-se que metade das amostras de solo da estação chuvosa não apresentou nenhuma banda e que a outra metade das amostras apresentou um número de bandas relativamente pequeno, em relação aos perfis resultantes das amostras da estação seca.

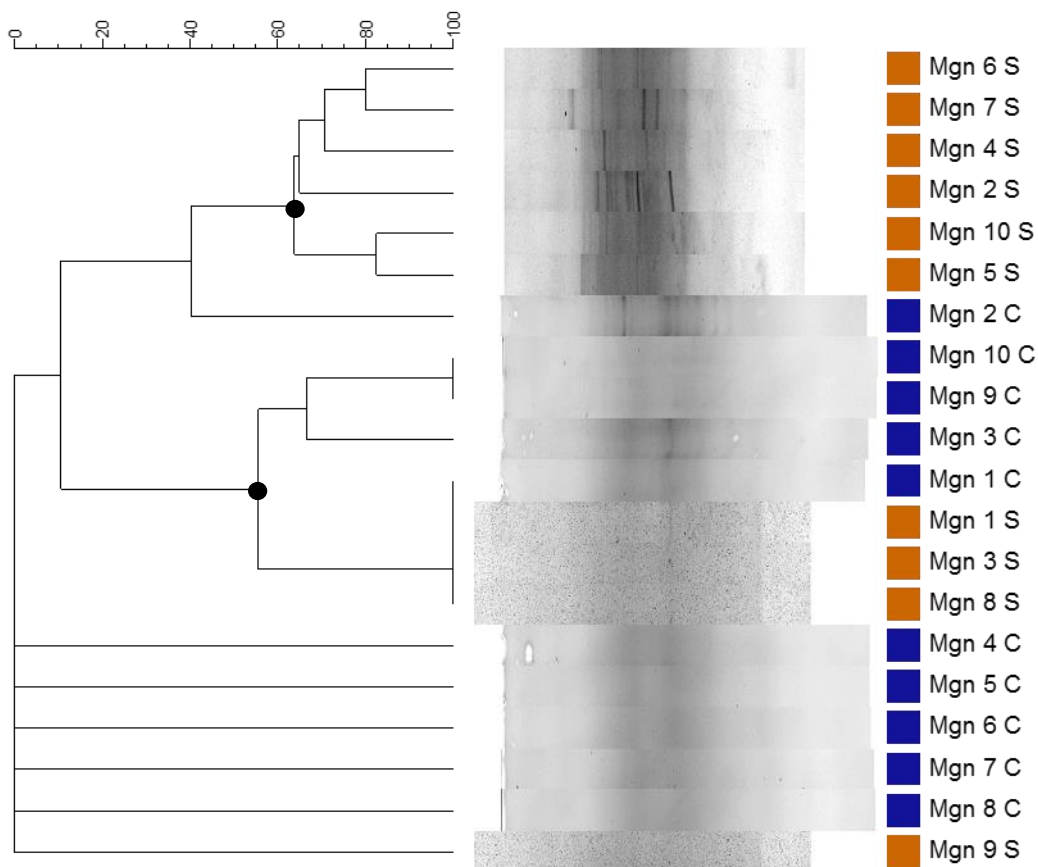


Figura 36. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência dos indivíduos da espécie *M. guianensis* (Mgn) no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras da estação seca de 2015 (S) são indicadas pela cor laranja e as da estação chuvosa de 2016 (C) pela cor azul. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para a espécie. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos.

Em suma, os perfis eletroforéticos obtidos mostram uma forte influência da sazonalidade da precipitação na estruturação das comunidades de FMAs em todas as amostras avaliadas, exceto para aquelas sob *B. salicifolius*, onde não houve agrupamento das amostras quanto as estações. Destaca-se a ausência de bandas em uma grande parte das amostras sob *P. bubescens* e *M. guianensis* na estação chuvosa.

A partir dos resultados obtidos na análise por espécie, foi realizada uma segunda avaliação com os perfis obtidos para as amostras em cada estação. Para esta análise não foram incluídas as amostras que não apresentaram bandas. Na estação seca, as amostras sob as espécies *P. pubescens* e *M. guianensis* formaram um grupo único com 58% de similaridade. Um segundo grupo notável foi formado com todas as amostras sob *T. vulgaris* com 73% de similaridade. As amostras sob *B. salicifolius* formaram um grupo com sete de seus representantes (77% de similaridade). Nota-se ainda a formação de um grupo com 72% de similaridade abrigando oito amostras sob a espécie *R. montana* e um grupo com 62% que foi formado por dois subgrupos: o primeiro abriga amostras sob seis indivíduos de *C. brasiliense* (75%) e o segundo abriga amostras sob nove indivíduos da espécie *Q. multiflora*, quatro sob *D. miscolobium* e duas sob *C. brasiliense* (67%). As amostras coletadas na zona de influência de *Q. grandiflora*, *D. miscolobium* e *O. hexasperma*, não apresentaram agrupamentos mais consistentes na estação seca de 2015 (Figura 37).

A comparação entre os perfis eletroforéticos obtidos para a estação chuvosa, revelou que oito amostras sob *T. vulgaris* se agruparam com 43% de similaridade. Outro grupo foi formado por sete amostras coletadas sob *C. brasiliense* com 48% de similaridade. Notavelmente, todas as amostras sob *B. salicifolius* formaram um *cluster* juntamente com três amostras coletadas sob *R. montana*, apresentando 58% de similaridade. Quatro amostras coletadas sob *D. miscolobium* e *O. hexasperma* formaram um grupo com similaridade de 59%. Por fim, as demais amostras coletadas sob a influência das espécies vegetais *D. miscolobium*, *O. hexasperma*, *Q. grandiflora*, *Q. multiflora* e *R. montana* se agruparam em dois *clusters* sem distinção clara entre as espécies, sendo o primeiro com 57% e o segundo com 52% de similaridade (Figura 38).

Seca de 2015

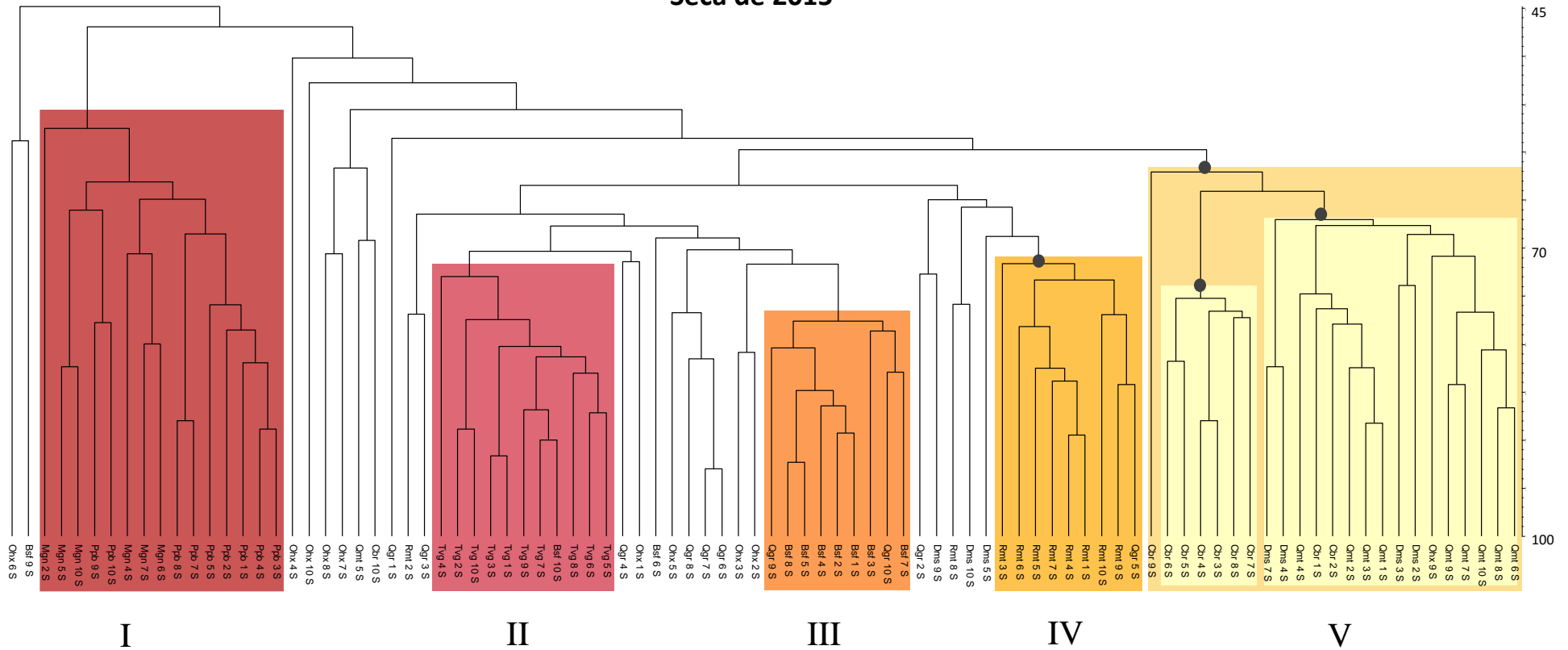


Figura 37. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência de dez espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras foram coletadas na Reserva Ecológica do IBGE na estação seca de 2015. As cores destacam os principais grupos formados pelo método da distância média não ponderada (UPGMA) a partir da matriz de similaridade criada com base do coeficiente Dice. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para cada espécie, sendo: Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *D. miscolobium*, Ppb = *P. pubescens*, Tvg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. Os algarismos diferenciam os principais grupos quanto à composição e similaridade (%) entre as amostras: (I)Ppb e Mgn – 58%, (II)Tvg – 73%, (III) Bsf – 77%, (IV) Rmt – 72%, (V) Cbr (75%) e Qmt/Dms (67%) – 62% .

Chuva de 2016

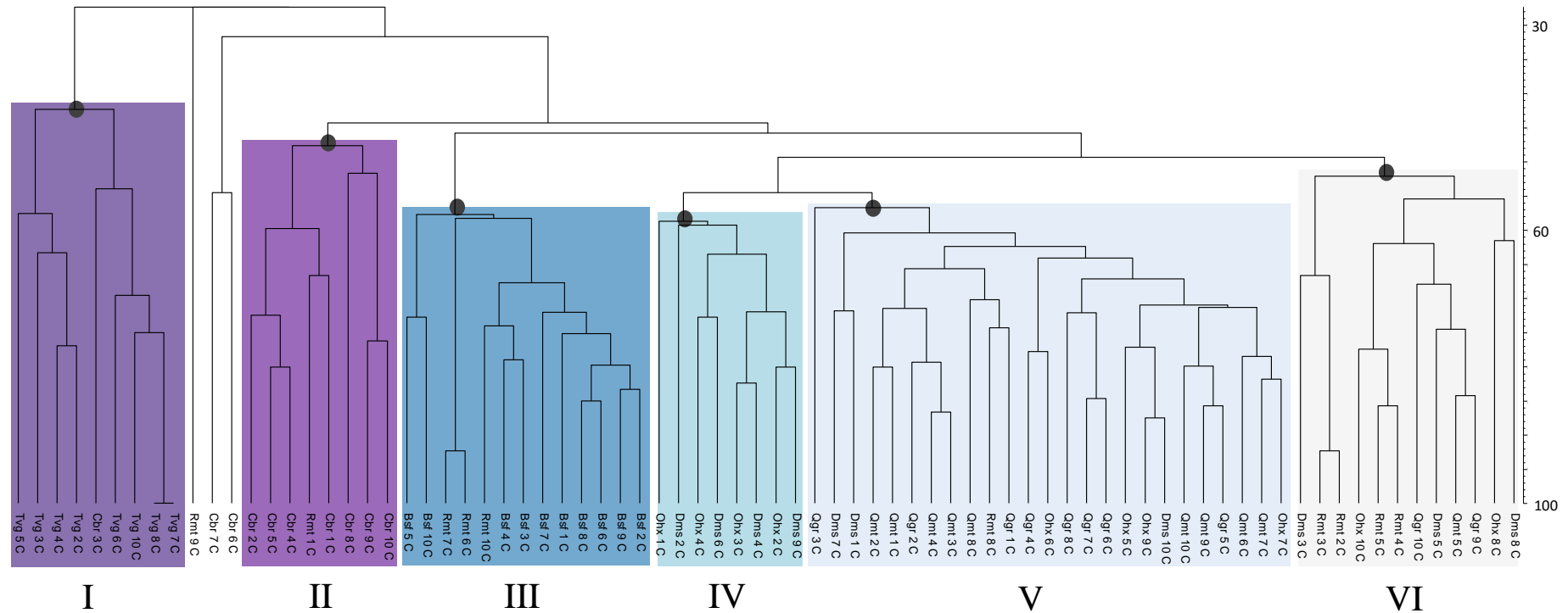


Figura 38. Dendrograma dos perfis eletroforéticos de DGGE com base no gene 18S rDNA de FMAs obtido a partir das amostras de solo coletadas na zona de influência de dez espécies lenhosas no intervalo de profundidade de 0 a 10 cm. As amostras foram coletadas na Reserva Ecológica do IBGE na estação chuva de 2016. As cores destacam os principais grupos formados pelo método da distância média não ponderada (UPGMA) a partir da matriz de similaridade criada com base do coeficiente Dice. Os círculos pretos destacam os principais nós que diferenciam os grupos. Os números de 1 a 10 indicam os indivíduos arbóreos estudados para cada espécie, sendo: Qgr = *Q. grandiflora*, Qmt = *Q. multiflora*, Dms = *P. pubescens*, Tvlg = *T. vulgaris*, Rmt = *R. montana*, Cbr = *C. brasiliense*, Ohx = *O. hexasperma*, Bsf = *B. salicifolius* e Mgn = *M. guianensis*. Os algarismos diferenciam os principais grupos quanto à composição e similaridade (%) entre as amostras: (I) Tvlg – 43%, (II) Cbr – 48%, (III) Bsf/Rmt – 58%, (IV) Dms/Ohx – 59%, (V) Dms/Ohx/Qgr/Qmt/Rmt – 57% e (VI) Dms/Ohx/Qgr/Qmt/Rmt – 52%.

6. Discussão

6.1. Zona de influência dos indivíduos arbóreos

A análise do porte dos indivíduos amostrados revelou uma grande variação nos dados de biomassa aérea com a maioria das espécies apresentando quocientes de variação (CV) de 50 a 95% (Figura 5). Em campo, foi observado que indivíduos possuíam vários fustes e marcas de rebrota, provavelmente devido à passagem de fogo pela Reserva Ecológica do IBGE no ano de 2011. Acredita-se que os indivíduos que possuíam grande porte mantiveram seu tronco após a passagem do fogo, enquanto que os menores perderam biomassa aérea e estavam em processo de rebrota no período em que este estudo foi realizado. Além disso, destaca-se que a biologia das espécies também é importante fator na produção de biomassa. *M. guianensis*, por exemplo, possui troncos bastante finos e menor altura, enquanto espécies como *T. vulgaris*, *P. Pubescens* e *B. salicifolius* apresentam porte arbóreo pronunciado. Outras espécies escolhidas como *O. hexasperma* e *R. montana* apresentam porte arbustivo, tendo menores valores de biomassa vegetal seca. A área da copa foi fortemente correlacionada com a biomassa vegetal seca das espécies escolhidas, conforme esperado. Os dados morfológicos coletados indicam que indivíduos arbóreos de maior porte, possuem também maiores copas, sendo sua zona de influência potencialmente maior. É importante considerar que comunidades de cerrado sentido restrito apresentam maior biomassa subterrânea em relação à biomassa aérea (Aduan *et al.*, 2003, Miranda *et al.*, 2014). O sistema radicular desenvolvido em função das pressões seletivas associadas às condições típicas do bioma, como secas periódicas, solos distróficos e capacidade de rebrota pós passagem do fogo, deve ser considerado quando se trata de interações com o solo. É possível que a zona de influência criada pelas raízes seja ainda maior do que o esperado em função de sua arquitetura e de seus aspectos funcionais específicos (Bardgett *et al.*, 2014b). Porém, como a investigação desta influência é mais difícil por questões metodológicas, espera-se que a zona de influência estimada pela área da copa forneça uma boa estimativa.

Espécies com maior biomassa aérea não apresentaram maior contribuição específica para a serapilheira fina depositada sobre o solo. Foi visto que a contribuição das frações de serapilheira em porcentagem (Figura 9), indicou sempre uma maior contribuição de serapilheira grossa em relação às folhas, em decorrência de a porcentagem ter sido calculada com base na massa das amostras, sendo a serapilheira

grossa composta por materiais mais densos como galhos e frutos, por exemplo.

As folhas das espécies alvo escolhidas apresentaram sempre a menor porcentagem de contribuição em massa na constituição da serapilheira total amostrada. Acredita-se que as características foliares de cada espécie tenham influência sobre este resultado. As espécies *T. vulgaris* e *R. montana* apresentaram as maiores contribuições de folhas da espécie alvo, sendo as lenhosas com menor área foliar específica em relação as demais espécies (Peixoto, 2007). Em oposição as espécies *D. miscolobium* *P. pubescens* e *B. salicifolius*, apresentam maiores valores de área foliar específica, sendo as espécies com menores contribuições na proporção total de contribuição para a massa de serapilheira acumulada no ano de 2015.

O componente relativo à mistura de serapilheira fina de várias espécies (mix) teve maior contribuição nas amostras sob todas as espécies, refletindo a diversidade de espécies presentes na área de estudo. Parcelas de cerrado sentido restrito apresentam cerca 990 indivíduos por hectare (Felfili *et al.*, 2002). Desse modo, há uma mistura de folhas na serapilheira acumulada em toda a área. Considerando ainda a diversidade de estratégias fenológicas das espécies (sempre-verdes, brevidecíduas e decíduas) há uma constante contribuição para a camada de serapilheira nas áreas. A presença marcante de folhas de outras espécies na zona de influência das espécies alvo, foi também observada no que diz respeito à composição do estoque de nutrientes sob cada indivíduo. A contribuição da serapilheira fina de outras espécies foi maior que a serapilheira da espécie alvo para todos nutrientes, revelando que os nutrientes aportados pelas espécies alvo, tem seu efeito diluído na totalidade da serapilheira.

Em relação aos nutrientes foliares, os dados indicam a existência de diferenças significativas entre as concentrações medidas nas folhas das espécies alvo para todos os macro e micronutrientes avaliados. Ao passo que, os nutrientes medidos nos mix de folhas, apresentam diferenças significativas apenas nas concentrações de potássio e ferro analisadas. Nota-se também que os nutrientes totais presentes no mix, contribuem mais para os estoques de nutrientes calculados na zona de influência de cada espécie do que os nutrientes provindos das folhas das espécies-alvo. De fato, por possuírem maior massa, as folhas do mix respondem pela maior fração dos valores totais componentes do estoque. Possivelmente, as diferenças existentes nas composições nutricionais entre as outras espécies presentes na parcela de estudo, acabam sendo diluídas quando as folhas são analisadas em um *pool* final, representado pela serapilheira acumulada.

As concentrações de nutrientes encontrados na serapilheira nos solos sob a influência das diferentes espécies, mostraram diferenças significativas para a maioria dos nutrientes, exceto o zinco do solo apresentou influência marcada da espécie lenhosa em sua zona de influência, sendo a maioria do macro nutrientes significativamente diferentes entre as espécies, excetuando-se o magnésio (Mg^{2+}), que não tem diferenças entre as amostras coletadas sob sua influência na seca, e o potássio, que não apresenta diferenças na comparação das amostras da estação chuvosa. Destaca-se entre os nutrientes o enxofre que apresentou um padrão sazonal muito marcado, com todas as amostras da chuva em concentrações significativamente menores que as da seca. Os micronutrientes medidos no solo também apresentaram pouca influência da variação sazonal, sendo a médias da maioria de suas amostras similares na comparação entre as estações. As avaliações das composições nutricionais do solo e da serapilheira não mostraram influência marcada dos grupos fenológicos, tampouco dos grupos funcionais de leguminosas e acumuladoras de alumínio.

A matéria orgânica medida não apresentou grande variação entre as amostras estudadas. Notadamente, seus valores na estação seca foram similares para as amostras de solo coletadas sob influência de todas as espécies vegetais. As diferenças encontradas na estação chuvosa, não apresentaram relação aparente com as demais variáveis analisadas. Os valores encontrados em todas as amostras são considerados de médios a altos segundo, Sousa e Lobato (2002), para solos do Cerrado com profundidade de 0 – 20 cm. A importância da matéria orgânica na manutenção dos processos no solo é amplamente relatada na literatura, atuando na estabilização dos agregados, na disponibilização de nutrientes e influenciando as atividades dos grupos microbianos (Cotrufo *et al.*, 2013; Lehmann e Kleber, 2015). Contudo, maiores diferenças entre os teores de matéria orgânica ocorrem na comparação entre sistemas diferentes de manejo do solo ou diferentes fitofisionomias (Veum *et al.*, 2014). Tem se dessa forma que não há grande variação da matéria orgânica presente no solo sob a influência de diferentes espécies vegetais.

O teor gravimétrico de água no solo variou claramente em função do regime sazonal de precipitação, conforme esperado, com os maiores conteúdos de água encontrados na estação chuvosa. Destaca-se que os valores encontrados para ambas estações foram superiores aos encontrados em outros estudos na área (Silva, 2012). Acredita-se que o fato de o solo ter sido coletado sob a copa das espécies vegetais pode

ter influenciado a manutenção de conteúdos mais altos de água no solo, em função do sombreamento pela copa e a cobertura do solo com serapilheira, diminui a evaporação da água presente no solo. (Carminati *et al.*, 2013)

O pH do solo variou em função da influência das espécies vegetais e também em função das estações, sendo mais elevado na estação chuvosa, tanto nas medidas feitas em água, quanto nas medidas feitas em KCl 1M (Figura 23). O pH tem um papel central na atividade dos organismos que vivem no solo, podendo selecionar grupos microbianos, regular a atividade de enzimas extracelulares e atuar na disponibilidade de cátions trocáveis no solo (Zhalnina *et al.*, 2014). Portanto, os dados que indicam a influência das espécies vegetais sobre o pH, indicam também um potencial impacto sobre a microbiota de sua zona rizosférica, sendo um parâmetro importante na análise dos dados.

A primeira hipótese propôs e que indivíduos lenhosos de diferentes espécies influenciam de forma distinta seu ambiente adjacente, criando variações em sua zona de influência. Os dados obtidos para as características físicas e químicas dos solos e da serapilheira apontaram uma tendência geral de diferenciação entre as amostras coletadas sob influência das diferentes espécies de lenhosas escolhidas. As influências criadas pelas espécies são também moduladas pelo regime de precipitação anual. Considerando-se assim que os dois fatores “espécie” e “estação” são fundamentais na compreensão dos processos que ocorrem na zona de influência.

6.2. Atividade microbiana do solo

Os dados obtidos para a biomassa microbiana no solo não apontaram diferenças significativas entre as estações, sendo que apenas a biomassa microbiana do solo sob a espécie *P. pubescens* diferiu entre estações com menores valores nas amostras coletadas na estação chuvosa. Na comparação entre as amostras de cada estação, a diferença entre as espécies não foi estatisticamente significativa. Todavia, as amostras coletadas sob as espécies da família Fabaceae e de *Q. grandiflora* apresentaram valores similares com médias abaixo de 100 mg de C.kg⁻¹ de solo na estação chuvosa e abaixo de 200 mg de C.kg⁻¹ de solo na estação seca. As médias obtidas para as demais espécies apresentaram tendência inversa, com os maiores valores sendo referentes a estação seca. Cabe notar que as tendências observadas não foram significativas provavelmente devido à variação nos valores das amostras que resultaram no grande desvio padrão calculado. A biomassa

microbiana representa uma estimativa geral da quantidade de organismos presentes no solo em dadas condições. Contudo, a quantidade de células e a identidade dos grupos microbianos presentes em uma amostra, podem variar em curtos intervalos de espaço e tempo, refletindo a característica dinâmica dos grupos microbianos em constante adaptação às mudanças do meio (Kuzyakov e Blagodatskaya, 2015). Assim, a variação encontrada nos resultados analisados, pode ser dar justamente pela variação biológica das amostras nas condições de coleta. Considera-se que talvez um maior esforço amostral possa diluir os efeitos das variações ambientais, fornecendo dados mais precisos em relação à influência das espécies vegetais sobre a biomassa microbiana.

Outros estudos realizados recentemente em áreas de Cerrado nativo mediram a biomassa microbiana de solo não rizosférico (*bulk soil*), encontrando valores médios entre 200 e 1200 mg de C.kg⁻¹ de solo (Mendes *et al.*, 2012; Duarte *et al.*, 2014; Cunha *et al.*, 2016). Assim, dados obtidos no presente trabalho, apresentam-se abaixo do esperado para as amostras sob *Q. grandiflora* e sob as leguminosas: *D. miscolobium*, *P. pubescens* e *T. vulgaris*. Enquanto que as amostras coletadas sob a influência das demais espécies possuem valores de biomassa microbiana dentro do intervalo esperado na comparação com outros trabalhos. Destacando-se as amostras coletadas sob *B. salicifolius* e *R. montana* apresentaram os maiores valores de atividade microbiana observados, cerca de 600 mg de C.kg⁻¹ de solo.

A atividade da enzima fosfatase ácida apresentou padrão sazonal marcado com médias superiores na estação seca para todas as amostras analisadas, exceto *Q. grandiflora*. As médias da estação chuvosa não foram diferentes entre as amostras coletadas sob influência das diferentes espécies vegetais. Na estação seca, as amostras apresentaram variações significativas. Destaca-se que as duas espécies acumuladoras de alumínio do gênero *Qualea* tiveram padrões opostos na estação seca, com a menor média medida sob *Q. grandiflora* e a maior média medida sob *Q. multiflora* (Figura 25). Interessantemente, as espécies leguminosas apresentaram padrão similar de atividade da fosfatase ácida no solo sob sua influência, formando um grupo juntamente com *R. montana*. Já a atividade da enzima β-glicosidase não apresentou diferença entre as amostras da estação seca, enquanto as amostras da estação chuvosa tiveram diferenças significativas entre si. Na comparação entre as estações, apenas as amostras sob a influência de *D. miscolobium* foram diferentes, com maior atividade na estação chuvosa (Figura 26).

Os padrões de atividade enzimáticas foram, portanto, diferentes entre as enzimas analisadas em função de regulações sazonais e das relações com as espécies lenhosas. Mendes *et al.* (2012) indicaram que a atividade das duas enzimas seria regulada sazonalmente. Segundo o trabalho realizado, a fosfatase ácida teria maiores valores de atividade na chuva, devido ao aumento do teor de umidade no solo que favoreceria o crescimento de plantas e microrganismos, aumentando a demanda por fósforo. Paralelamente, a atividade de β -glicosidase seria também mais elevada na estação chuvosa, devido à grande quantidade de carbono acumulada durante a estação seca, via deposição da serapilheira. Estes dados, assim como os disponíveis em outros trabalhos foram obtidos a partir das análises de solo não rizosférico (*bulk soil*), sendo possível que a diferença obtida em relação aos nossos dados seja, justamente, resultante da influência da vegetação. É possível que durante a seca, o fósforo seja escasso na zona próxima as raízes, zona de depleção, devido à sua baixa mobilidade, sendo necessário investir esforços metabólicos para sua captação (Lambers, 2006). Já o carbono, continua sendo depositado, mesmo que em quantidades variáveis, na zona das raízes pela liberação de compostos exsudados localmente (Ghezzehei e Albalasmeh, 2015). Talvez, o solo não associado fortemente às raízes ou distante de zonas de influência apresentasse padrões distintos, já que as atividades enzimáticas, assim como a atividade microbiana, são reguladas em finas escalas espaciais e temporais (Hendricksen *et al.*, 2016; Schimel *et al.*, 2017). Compreender as relações entre as atividades enzimáticas, a influência específica da vegetação frente à variação sazonal, pode fornecer uma importante ferramenta na tentativa de acessar a complexidade das relações acima e abaixo do solo na ciclagem de nutrientes e na decomposição (Burns *et al.*, 2013).

6.3. Estrutura das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares

As análises realizadas mostraram uma influência marcante do padrão sazonal na estruturação das comunidades de fungos micorrízicos arbusculares. A umidade do solo é um importante fator conhecido na determinação do estabelecimento de micorrizas, devido à necessidade de água para germinação dos esporos (Moreira e Siqueira, 2002). Contudo, foi interessante observar que, para a maioria das espécies, o número de bandas encontradas nos géis de DGGE foi inferior na estação chuvosa, destacando-se que as amostras coletadas sob as espécies *P. pubescens* e *M. guianensis* não apresentaram bandas para a quase totalidade dos perfis obtidos nessa estação (Figura 38). As amostras

de solo correspondentes a estas duas espécies foram também as que apresentaram os maiores valores de pH na estação chuvosa (Figura 23), sendo que a espécie *P. pubescens* também apresentou os menores valores de biomassa microbiana nessa estação (Figura 24). O pH do solo, próximo a 6,0 para ambas espécies, pode estar associado ao menor estabelecimento das micorrizas. Outra possibilidade a ser considerada diz respeito à limitação técnica na escolha de iniciadores para a amplificação do DNA pela reação da polimerase em cadeia. Existem diversas combinações de pares de iniciadores disponíveis para a amplificação de material fúngico (Beeck *et al.*, 2014). Porém, até o momento, nenhum deles se mostrou eficaz em amplificar todos os grupos de micorrizas conhecidos (Xiang *et al.*, 2016). Symanczik *et al.* (2015) mostraram que as espécies de FMAs podem variar bastante em sua tolerância a diferentes condições de estresse hídrico, sendo possível que haja especificidade de um grupo de fungos na interação com as espécies vegetais durante a estação chuvosa que não foi detectada pela técnica aqui empregada. De qualquer modo, o resultado obtido permite concluir que as amostras coletadas sob a influência de *P. pubescens* e *M. guianensis* se diferenciam das demais em termos de estruturação da comunidade de FMAs, já que inclusive na estação seca, quando apresentaram mais bandas, elas formaram um agrupamento significativamente distinto dos demais.

A separação clara dos perfis estruturais obtidos entre seca e chuva, é consistente com um grande número de estudos que demonstraram as variações que ocorrem em comunidades de fungos micorrízicos acompanhando mudanças sazonais na precipitação (Clark *et al.*, 2009; Hawkes *et al.*, 2011; Martínez-García *et al.*, 2012). Estas mudanças foram relatadas tanto em experimentos controlados, quanto em condições naturais e apontam para a grande capacidade de adaptação deste grupo de organismos a um amplo leque de situações ambientais. Com relação à vegetação, uma meta-análise elaborada por Jayne e Quigley (2014) indicou que, em condições de escassez de água, as plantas associadas aos fungos micorrízicos apresentam melhores respostas em termos de crescimento e reprodução, quando comparadas às plantas não colonizadas. Adicionalmente, um estudo realizado em diferentes fitofisionomias do Cerrado por Castro *et al.* (2016), mostrou uma redução na abundância relativa de Glomeromycota na estação chuvosa. Estas informações associadas aos dados encontrados neste estudo poderiam indicar uma vantagem adaptativa para as espécies do Cerrado no favorecimento das interações com FMAs na estação seca, de modo a reduzir o estresse hídrico.

Lee e colaboradores (2013) relatam que, mundialmente, foram identificadas menos espécies de FMAs do que o esperado dada sua ampla distribuição global. Entretanto, os fungos micorrízicos apresentam uma grande variabilidade genética, mesmo dentro da mesma espécie. Paralelamente, Gosling *et al.* (2015) relataram uma aparente redundância funcional entre grupos de FMAs. Com isto, mudanças na composição das comunidades entre as estações não afetariam drasticamente as interações no ecossistema. As micorrizas, podem representar, portanto, um elemento de resiliência em nível multifuncional frente a mudanças ambientais (Martinez-Garcia *et al.*, 2017).

As únicas amostras que não apresentaram diferença nos perfis das comunidades de FMAs entre as estações foram as coletadas sob a influência de *Blepharocalyx salicifolius*. Este padrão se destacou entre os demais, indicando que a comunidade presente na rizosfera desta espécie foi mantida independentemente das estações. A análise dos géis revelou uma grande quantidade de bandas em ambas as estações, padrão que também foi diferente da maior parte dos grupos (Figuras 29 a 36), excetuando-se as amostras coletadas sob as espécies do gênero *Qualea* (Figuras 27 e 28), que também apresentaram muitas bandas em ambas estações. Na comparação com as amostras coletadas sob as demais espécies vegetais, *B. salicifolius* é a que apresenta a maior concentração média de nitrogênio inorgânico total na estação chuvosa com $8,79 \pm 2,76 \text{ mg.kg}^{-1}$ (Figura 18), sendo possível, de alguma forma, que a presença desse nitrogênio em maiores concentrações na estação chuvosa, favoreça a manutenção das micorrizas ou que as micorrizas presentes durante a estação chuvosa sejam selecionadas justamente pela presença desse nutriente. Cabe notar, contudo, que há uma tendência geral de que a associação com FMAs seja reduzida na presença de altas concentrações de nutrientes (Treseder, 2004).

Os resultados obtidos para os solos coletados na rizosfera *R. montana* indicam a presença de micorrizas em ambas estações do ano. A presença de micorrizas nesta espécie também havia sido reportada por Thomazini (1974) e por Detmann (2007), apesar de relatos que indicam a família Proteacea como sem interações com micorrizas (Lambers e Teste, 2013; Heijden *et al.*, 2015). As espécies pertencentes à família Proteacea possuem potencial para a formação de raízes com estrutura especializada para o aumento da captação de fósforo, sendo muito ramificadas. Devido à presença destas estruturas a interação com as micorrizas seria dificultada, podendo também não ser vantajosa para as plantas. Contudo, condições nutricionais locais, como a baixa

disponibilidade de nutrientes e de água, podem determinar a formação de micorrizas em espécies dessa família como estratégia adaptativa (Lambers *et al.*, 2006), sendo possivelmente esse o caso de *R. montana*. Os resultados dos agrupamentos realizados para ambas estações (Figuras 37 e 38) mostram que os perfis encontrados nas amostras correspondentes a essa espécie vegetal se agruparam de forma distinta, demonstrando sua influência na estruturação das comunidades de FMAs.

As análises de estruturação das comunidades de FMAs realizadas em cada estação coletada, indicam que há um agrupamento das amostras coletadas sob a influência das diferentes espécies vegetais e que o padrão do agrupamento difere entre as estações (Figuras 37 e 38). Além dos agrupamentos mencionados anteriormente formados pelas amostras sob influência de *P. pubescens* e *M. guianensis*, as espécies *T. vulgaris*, *C. brasiliense* e *B. salicifolius* também formaram *clusters* nas duas estações estudadas. Estas espécies exercem, portanto, influência sob os fungos micorrízicos arbusculares presentes no solo, determinando em alguma escala a forma como suas comunidades estão sendo estruturadas na área de estudo.

As amostras de solo sob *Q. multiflora* e *D. miscolobium* formaram um grupo na estação seca, juntamente com as amostras sob *C. brasiliense*. As espécies *O. hexasperma* e *Q. grandiflora* não formaram nenhum agrupamento específico nessa estação. Já na estação chuvosa, as amostras de solo coletadas sob a influência *D. miscolobium*, *O. hexasperma*, *Q. grandiflora*, *Q. multiflora* e *R. montana* formaram dois grandes *clusters* sem distinção clara entre as amostras. Interessantemente, as espécies vegetais mencionadas parecem exercer influência similar sob as comunidades de FMAs, principalmente na estação chuvosa, apesar de não pertencerem às mesmas famílias taxonômicas e de serem de grupos fenológicos distintos. Outros fatores ligados diretamente ao solo ou a outros componentes da comunidade, podem estar relacionados à seleção dos fungos micorrízicos encontrados nessas amostras. Notadamente, vale colocar a importância de fatores como o pH, a composição química dos exsudatos rizosféricos e das interações com outros microrganismos presentes no solo (Symanczik *et al.*, 2015; Heijden *et al.*, 2015).

As amostras sob influência da espécie *D. miscolobium*, em sua maior parte, apresentaram similaridades com as amostras coletadas sob *C. brasiliense*, *O. hexasperma* e sob as espécies do gênero *Qualea*, mas sem uma estrutura de agrupamento definida em nenhuma estação. Este fato, demonstra que não deve haver

especificidade na associação de micorrizas com esta espécie vegetal. A interação das micorrizas arbusculares com *D. miscolobium* pode ser ainda mais complexa do que o observado para outras espécies devido à potencial colonização de suas raízes por bactérias fixadoras de nitrogênio (FBN). A associação tripla de plantas, bactérias e micorrizas ainda é alvo de vários estudos e pouco se sabe sobre os mecanismos que regulam a especificidades destas relações em nível morfológico e molecular (Bonfante e Anca, 2009; Afkhami e Stinchcome, 2016). Os resultados obtidos para de *D. miscolobium* parecem demonstrar que não há grande especificidade na relação destas plantas com as micorrizas, já que as estruturas das comunidades de FMAs formadas em sua rizosfera não apresentam um padrão significativo de similaridade. As outras duas espécies de leguminosas estudadas, *P. pubescens* e *T. vulgaris* apresentaram, em ambas estações, estruturas de comunidades micorrízicas arbusculares com maior especificidade, conforme citado anteriormente.

Os dados apresentados corroboram a hipótese inicial de que as comunidades de fungos micorrízicos presentes no solo da área de cerrado sentido restrito estudada, possuem diferentes estruturas em função da sua associação com diferentes espécies lenhosas e em função da variação sazonal do bioma.

7. Considerações finais

O trabalho realizado corrobora a importância da manutenção da diversidade nos sistemas acima do solo, como forma de garantir uma potencial diversidade abaixo do solo. A complexa rede que associa plantas e microrganismos tem potencial para modificar os ciclos dos elementos de forma significativa, atuando, por exemplo, no armazenamento de carbono ou aumentando a eficiência do uso de recursos limitantes. O entendimento das interações que ocorrem entre os compartimentos aéreos e subterrâneos do ecossistema, deve ser considerado nas estratégias de conservação do Cerrado, frente às mudanças ambientais.

8. Referências bibliográficas

- Aduan, R. E., Vilela, M. D. F., & Klink, C. A. (2003). *Ciclagem de carbono em ecossistemas terrestres: o caso do cerrado brasileiro*. Embrapa Cerrados.
- Afkhami, M. E., & Stinchcombe, J. R. (2016). Multiple mutualist effects on genomewide expression in the tripartite association between *Medicago truncatula*, nitrogen-fixing bacteria and mycorrhizal fungi. *Molecular ecology*, 25(19), 4946-4962.
- Alef, K. e Nannipieri, P. 1995. *Methods in applied soil microbiology and biochemistry*. Academic Press. Pp: 311 – 351.
- Alef, K. e Nannipieri, P. 1995. *Methods in applied soil microbiology and biochemistry*. Academic Press, pp: 311 – 351.
- Alguacil, M. M., Torrecillas, E., García-Orenes, F., & Roldán, A. (2014). Changes in the composition and diversity of AMF communities mediated by management practices in a Mediterranean soil are related with increases in soil biological activity. *Soil Biology and Biochemistry*, 76, 34-44.
- Alvarez V. V. H.; Dias, L.E.; Ribeiro Jr., E.S.; Souza, R.B. e Fonseca, C.A. 2001. *Métodos de análises de enxofre em solos e plantas*. Viçosa: UFV, 131p.
- Alvarez, V.; V.H., Novais, R.F.; Dias, L.E. e Oliveira, J.A. 2000. Determinação e uso do fósforo remanescente. *Boletim Informativo – SBSCS*. Viçosa – MG, vol 25, nº 1, pp : 27 – 32.
- Aponte, C., García, L. V., & Marañón, T. (2013). Tree species effects on nutrient cycling and soil biota: a feedback mechanism favouring species coexistence. *Forest ecology and management*, 309, 36-46.
- Bardgett, R. D., & van der Putten, W. H. (2014a). Belowground biodiversity and ecosystem functioning. *Nature*, 515(7528), 505-511.
- Bardgett, R. D., Mommer, L., & De Vries, F. T. (2014b). Going underground: root traits as drivers of ecosystem processes. *Trends in Ecology & Evolution*, 29(12), 692-699.
- Berendsen, R. L., Pieterse, C. M., & Bakker, P. A. (2012). The rhizosphere microbiome and plant health. *Trends in plant science*, 17(8), 478-486.
- Berg, G., Köberl, M., Rybakova, D., Müller, H., Grosch, R., & Smalla, K. (2017). Plant microbial diversity is suggested as the key to future biocontrol and health trends. *FEMS Microbiology Ecology*, 93(5).
- Bever, J. D., Platt, T. G., & Morton, E. R. (2012). Microbial population and community dynamics on plant roots and their feedbacks on plant communities. *Annual review of microbiology*, 66, 265-283.

- Boer, W. D., Folman, L. B., Summerbell, R. C., & Boddy, L. (2005). Living in a fungal world: impact of fungi on soil bacterial niche development. *FEMS microbiology reviews*, 29(4), 795-811.
- Bonfante, P., & Anca, I. A. (2009). Plants, mycorrhizal fungi, and bacteria: a network of interactions. *Annual review of microbiology*, 63, 363-383.
- Bonfante, P., & Anca, I. A. (2009). Plants, mycorrhizal fungi, and bacteria: a network of interactions. *Annual review of microbiology*, 63, 363-383.
- Bonkowski, M., & Roy, J. (2005). Soil microbial diversity and soil functioning affect competition among grasses in experimental microcosms. *Oecologia*, 143(2), 232-240.
- Bouyoucos, G. J. 1926. Rapid determination of the moisture content of soils. *Science*, vol. 64, n° 1670, pp:651 – 652.
- Bradford, M. A., Wood, S. A., Bardgett, R. D., Black, H. I., Bonkowski, M., Eggers, T., ... & Jones, T. H. (2014). Discontinuity in the responses of ecosystem processes and multifunctionality to altered soil community composition. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(40), 14478-14483.
- Braga, J.M. e Defelipo, B.V. 1974. Determinação espectrofotométrica de fósforo em extratos de solos e plantas. *Revista Ceres*, vol 21, n° 113, pp :73 – 85.
- Brandt, A. J. *et al.* 2013. Soil heterogeneity generated by plant–soil feedbacks has implications for species recruitment and coexistence. *Journal of Ecology*, vol 11, n° 2, pp: 277 – 286.
- Brandt, A. J., Kroon, H., Reynolds, H. L., & Burns, J. H. (2013). Soil heterogeneity generated by plant–soil feedbacks has implications for species recruitment and coexistence. *Journal of Ecology*, 101(2), 277-286.
- Bresolin, J.; Bustamante, M. M. C.; Kruger, R. ; Silva, M. R. S. ; Perez, K. S. . Structure and composition of bacterial and fungal community in soil under soybean monoculture in the Brazilian Cerrado. *Brazilian Journal of Microbiology (Impresso)*, v. 41, p. 1-13, 2010
- Burns, R. G., DeForest, J. L., Marxsen, J., Sinsabaugh, R. L., Stromberger, M. E., Wallenstein, M. D., Weintraub M. N & Zoppini, A. (2013). Soil enzymes in a changing environment: current knowledge and future directions. *Soil Biology and Biochemistry*, 58, 216-234.
- Bustamante, M. M. C. *et al.* 2012a. Potential impacts of climate change on biogeochemical functioning of Cerrado ecosystems. *Braz. J. Biol*, vol 72, no 3, pp: 655 – 671.
- Bustamante, M. M. C. *et al.* 2012b. Potential impacts of climate change on biogeochemical functioning of Cerrado ecosystems. *Braz. J. Bio*, vol.72, n°3.

- Carminati, A. (2013). Rhizosphere wettability decreases with root age: a problem or a strategy to increase water uptake of young roots? *Frontiers in plant science*, 4.
- Castro, A. P. *et al.* 2008. Diversity of soil fungal communities of Cerrado and its closely surrounding agriculture fields. *Archives of Microbiology*, vol. 190, nº 2, pp: 129 – 139.
- Castro, A.P. 2013. Efeito da disponibilidade de água na composição e função de comunidades microbianas presentes no solo do Cerrado revelado por análises metagenômicas. Dissertação Universidade de Brasília.
- Castro, V. H. L. *et al.* 2013. Acidobacteria from oligotrophic soil from the Cerrado can grow in a wide range of carbon source concentrations. *Canadian Journal of Microbiology*, vol, 59, nº 11, pp: 746 – 753.
- Castro, E. A., & Kauffman, J. B. (1998). Ecosystem structure in the Brazilian Cerrado: a vegetation gradient of aboveground biomass, root mass and consumption by fire. *Journal of tropical ecology*, 14(3), 263-283.
- Catão, E. C. P., Lopes, F. A. C., da Silva, M. R. S. S., Santana, R. H., da Cunha Bustamante, M. M., & Krüger, R. H. (2014). Diversity and Function of Bacterial Assemblages in Savanna Vegetation Soils. In *Bacterial Diversity in Sustainable Agriculture* (pp. 147-165). Springer International Publishing.
- Catão, E. *et al.* 2013. Diversity of Archaea in Brazilian savanna soil. *Archives of Microbiology*, vol. 195, nº 7, pp: 507 – 512.
- Catão, E. *et al.* 2014. Soil acidobacterial 16s rRNA gene sequences reveal subgroup level differences between savanna-like Cerrado and Atlantic forest Brazilian biomes. *International Journal of Microbiology*, vol. 2014, pp: 1 – 12.
- Churchland, C., & Grayston, S. J. (2014). Specificity of plant-microbe interactions in the tree mycorrhizosphere biome and consequences for soil C cycling. *Frontiers in microbiology*, 5.
- Clark, N. M., Rillig, M. C., & Nowak, R. S. (2009). Arbuscular mycorrhizal fungal abundance in the Mojave Desert: seasonal dynamics and impacts of elevated CO₂. *Journal of Arid Environments*, 73(9), 834-843.
- Classificação e taxonomia de Fungos Micorrízicos Arbusculares e sua Diversidade e ocorrência no Brasil. In: Siqueira, J. O.; Sousa, F. A. D. S.; Cardoso, Elke J. B. N.; Siu Mui Tsai (Ed.). *Micorrizas: 30 anos de pesquisa no Brasil*. [s.l.: s.n.] - Lavras: UFLA, 2010p. 15–74.
- Cotrufo, M. F., Wallenstein, M. D., Boot, C. M., Denef, K., & Paul, E. (2013). The Microbial Efficiency-Matrix Stabilization (MEMS) framework integrates plant litter decomposition with soil organic matter stabilization: do labile plant inputs form stable soil organic matter?. *Global Change Biology*, 19(4), 988-995.

- da Cunha, J. R., Leite, L. F. C., & de Almeida Tavares, D. J. (2016). Biomassa microbiana e atividade enzimática de um latossolo em diferentes sistemas de manejo do cerrado piauiense. *Científica*, 64.
- Dance, A. (2008). Soil ecology: what lies beneath. *Nature News*, 455(7214), 724-725.
- Defelipo, B. V. e Ribeiro, A. C. 1997. Análise química do solo (metodologia). Viçosa, MG: UFV, 2. ed, 26p. (Boletim de extensão 29).
- De Beeck, M. O., Lievens, B., Busschaert, P., Declerck, S., Vangronsveld, J., & Colpaert, J. V. (2014). Comparison and validation of some ITS primer pairs useful for fungal metabarcoding studies. *PLoS One*, 9(6), e97629.
- de Castro, A. P., da Silva, M. R. S. S., Quirino, B. F., da Cunha Bustamante, M. M., & Krüger, R. H. (2016). Microbial diversity in Cerrado biome (neotropical savanna) soils. *PloS one*, 11(2), e0148785.
- de Pontes, J. S., Oehl, F., Pereira, C. D., de Toledo Machado, C. T., Coyne, D., da Silva, D. K. A., & Maia, L. C. (2017). Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the Brazilian's Cerrado and in soybean under conservation and conventional tillage. *Applied Soil Ecology*, 117, 178-189.
- Delgado-Baquerizo, M., Maestre, F. T., Reich, P. B., Jeffries, T. C., Gaitan, J. J., Encinar, D., ... & Singh, B. K. (2016). Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems. *Nature communications*, 7, 10541.
- Deng, S., Popova, I. E., Dick, L., & Dick, R. (2013). Bench scale and microplate format assay of soil enzyme activities using spectroscopic and fluorometric approaches. *Applied soil ecology*, 64, 84-90.
- Detmann, K. S. C. 2007. Fungos micorrízicos arbusculares e endofíticos do tipo “dark septate” em plantas nativas do Cerrado. Dissertação Universidade Federal de Viçosa.
- Duarte, I. B., de Souza Gallo, A., da Silva Gomes, M., de França Guimarães, N., Rocha, D. P., & da Silva, R. F. (2014). Plantas de cobertura e seus efeitos na biomassa microbiana do solo. *Acta Iguazu*, 3(2), 150-165.
- Eisenhauer, N. (2016). Plant diversity effects on soil microorganisms: Spatial and temporal heterogeneity of plant inputs increase soil biodiversity.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa do Solo. 2006. Sistema brasileiro de classificação de solos. Rio de Janeiro, Embrapa Solos, 2ª ed, 306p.
- Felfili, J. M. *et al.* 2005. Manual para o monitoramento de parcelas permanentes nos biomas Cerrado e Pantanal. Brasília-DF, Editora da UnB.
- Felfili, J. M., Silva, P. E. N. D., Silva Júnior, M. C. D., Marimon, B. S., & Delitti, W. B. C. (2002). Composição florística e fitossociologia do cerrado sentido restrito no município de Água Boa-MT.

- Ghezzehei, T. A., & Albalasmeh, A. A. (2015). Spatial distribution of rhizodeposits provides built-in water potential gradient in the rhizosphere. *Ecological Modelling*, 298, 53-63.
- Gorzalak, M. A., Asay, A. K., Pickles, B. J., & Simard, S. W. (2015). Inter-plant communication through mycorrhizal networks mediates complex adaptive behaviour in plant communities. *AoB Plants*, 7.
- Gosling, P., Jones, J., & Bending, G. D. (2016). Evidence for functional redundancy in arbuscular mycorrhizal fungi and implications for agroecosystem management. *Mycorrhiza*, 26(1), 77-83.
- Graham, E. B., Knelman, J. E., Schindlbacher, A., Siciliano, S., Breulmann, M., Yannarell, A., ... & Foulquier, A. (2016). Microbes as engines of ecosystem function: when does community structure enhance predictions of ecosystem processes?. *Frontiers in microbiology*, 7.
- Haridasan, M. 1982. Aluminium accumulation by some Cerrado native species of Central Brazil. *Plant and Soil*, vol 65, pp: 265 – 273.
- Harper, H. J. 1924. The determination of ammonia in soils. *Soil Science*, vol 18, n° 5, pp 409.
- Hawkes, C. V., Kivlin, S. N., Rocca, J. D., Huguet, V., Thomsen, M. A., & Suttle, K. B. (2011). Fungal community responses to precipitation. *Global Change Biology*, 17(4), 1637-1645.
- Heijden, M. G., & Horton, T. R. (2009). Socialism in soil? The importance of mycorrhizal fungal networks for facilitation in natural ecosystems. *Journal of Ecology*, 97(6), 1139-1150.
- Heijden, M. G., Martin, F. M., Selosse, M. A., & Sanders, I. R. (2015). Mycorrhizal ecology and evolution: the past, the present, and the future. *New Phytologist*, 205(4), 1406-1423.
- Helgason, T.; Daniell, T.J.; Husband, R.; Fitter, A.H. e Young ,J.P.W. 1998. Ploughing up the wood-wide web. *Nature*, vol 394, p. 431.
- Hendriksen, N. B., Creamer, R. E., Stone, D., & Winding, A. (2016). Soil exo-enzyme activities across Europe—The influence of climate, land-use and soil properties. *Applied Soil Ecology*, 97, 44-48.
- Jayne, B., & Quigley, M. (2014). Influence of arbuscular mycorrhiza on growth and reproductive response of plants under water deficit: a meta-analysis. *Mycorrhiza*, 24(2), 109-119.
- Jenkinson, D.S. e Powlson, D.S. 1976. The effects of biocidal treatments on metabolism in soil-I. Fumigation with chloroform. *Soil Biology and Biochemistry*, vol 8, pp: 167-177.

- Jenny, H. (1994). *Factors of soil formation: a system of quantitative pedology*. Courier Corporation.
- Jing, X., Sanders, N. J., Shi, Y., Chu, H., Classen, A. T., Zhao, K., Cheng L., Shi Yue., Jiang., Y & He, J. S. (2015). The links between ecosystem multifunctionality and above-and belowground biodiversity are mediated by climate. *Nature communications*, 6.
- Johnson, N. C. (2010). Resource stoichiometry elucidates the structure and function of arbuscular mycorrhizas across scales. *New Phytologist*, 185(3), 631-647.
- Kelly, C. N., Morton, J. B., & Cumming, J. R. (2005). Variation in aluminum resistance among arbuscular mycorrhizal fungi. *Mycorrhiza*, 15(3), 193-201.
- Killham, K. 1995. *Soil Ecology*. Cambridge University Press, Cambridge, Inglaterra.
- Kirk, J. L., Beaudette, L. A., Hart, M., Moutoglis, P., Klironomos, J. N., Lee, H., & Trevors, J. T. (2004). Methods of studying soil microbial diversity. *Journal of microbiological methods*, 58(2), 169-188.
- Köppen, W. 1931. *Climatologia*. Fondo de Cultura Económica, Buenos Aires.
- Kowalchuk, G.A.; De Souza, F.A. e Van Veen, J. A. 2002. Community analysis of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Ammophila arenaria* in Dutch coastal sand dunes. *Molecular Ecology*, vol 11, pp: 571–581.
- Kuzyakov, Y., & Blagodatskaya, E. (2015). Microbial hotspots and hot moments in soil: concept & review. *Soil Biology and Biochemistry*, 83, 184-199.
- Lambers, H., & Teste, F. P. (2013). Interactions between arbuscular mycorrhizal and non-mycorrhizal plants: do non-mycorrhizal species at both extremes of nutrient availability play the same game?. *Plant, cell & environment*, 36(11), 1911-1915.
- Lambers, H., Shane, M. W., Cramer, M. D., Pearse, S. J., & Veneklaas, E. J. (2006). Root structure and functioning for efficient acquisition of phosphorus: matching morphological and physiological traits. *Annals of botany*, 98(4), 693-713.
- Lange, M., Eisenhauer, N., Sierra, C. A., Bessler, H., Engels, C., Griffiths & Steinbeiss, S. (2015). Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage. *Nature Communications*, 6, 6707.
- Lee, E. H., Eo, J. K., Ka, K. H., & Eom, A. H. (2013). Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and their roles in ecosystems. *Mycobiology*, 41(3), 121-125
- Leff, J. W., Jones, S. E., Prober, S. M., Barberán, A., Borer, E. T., Firn, J. L., ... & McCulley, R. L. (2015). Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(35), 10967-10972.
- Lehmann, J., & Kleber, M. (2015). The contentious nature of soil organic matter. *Nature*, 528(7580), 60-68.

- Lenza, E. e Klink, C.A. 2006. Comportamento fenológico de espécies lenhosas em um cerrado sentido restrito de Brasília, DF. *Revista Brasileira de Botânica*, vol 29, nº 4, pp: 627 – 638.
- Liang, Z.; Drijber, R.A.; Lee, D.J.; Dwiekat, I.M.; Harris, S.D. e Wedin, D.A. 2008. A DGGE-cloning method to characterize arbuscular mycorrhizal community structure in soil. *Soil Biology and Biochemistry*, vol 40.4, pp: 956-966.
- Liptay, A., & Arevalo, A. E. (2000). Plant mineral accumulation, use and transport during the life cycle of plants: a review. *Canadian journal of plant science*, 80(1), 29-38.
- Martinez-Garcia, L. B., De Deyn, G. B., Pugnaire, F. I., Kothamasi, D., & van der Heijden, M. G. (2017). Symbiotic soil fungi enhance ecosystem resilience to climate change. *Global Change Biology*.
- Matsuoka, M. *et al.* 2002. Biomassa e atividade microbiana de solos sob vegetação nativa e sistemas agrícolas na região de Primavera do Leste/MT. Planaltina-DF, Embrapa Cerrados, Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, vol 34, pp 13.
- Meier, M. 1991. Nitratbestimmung in Boden-proden (N-min-Methode). *Labor Praxis-abril*, pp: 244 – 247.
- Mendes, I. C. *et al.* 2012. Biological functioning of Brazilian Cerrado soils under different vegetation types. *Plant and Soil*, vol 359, no 1-2, pp: 183 – 195.
- Mendéz, D. F. S. Diversidade de Fungos Micorrízicos Arbusculares e sua relação com atributos do solo em área de milho sob monocultivo e em consórcio com forrageiras no Cerrado. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2016, 106 p. Dissertação de Mestrado
- Miranda, S. D. C., Bustamante, M., Palace, M., Hagen, S., Keller, M., & Ferreira, L. G. (2014). Regional variations in biomass distribution in Brazilian savanna woodland. *Biotropica*, 46(2), 125-138.
- Moore, J. C., & de Ruiter, P. C. (1991). Temporal and spatial heterogeneity of trophic interactions within below-ground food webs. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 34(1-4), 371-397.
- Moreira, F.M.S. e Siqueira, J.O. (2002). *Microbiologia e Bioquímica do Solo*. UFLA, Lavras-MG
- Moreira, F.M.S.; Cares, J.E.; Zanetti, R. e Stümer, S. L. (2013). *O Ecossistema Solo*. UFLA, Lavras-MG.
- Myers, N., Mittermeier, R. A., Mittermeier, C. G., Da Fonseca, G. A., & Kent, J. (2000). Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403(6772), 853.

- Nardoto, G.B. *et al.* 2006. Nutrient use efficiency at ecosystem and species level in savanna areas of Central Brazil and impacts of fire. *Journal of Tropical Ecology*, vol 122, n° 2, pp: 191 – 201.
- Nielsen, U. N., Ayres, E., Wall, D. H., & Bardgett, R. D. (2011). Soil biodiversity and carbon cycling: a review and synthesis of studies examining diversity–function relationships. *European Journal of Soil Science*, 62(1), 105-116.
- Oliveira, J.R.A.; Mendes, L.C. e Vivaldi, L. 2001. Carbono da biomassa microbiana em solos de cerrado sob vegetação nativa e sob cultivo: avaliação dos métodos de fumigação-incubação e fumigação-extração. *Revista Brasileira de Ciências do Solo*, vol 25, pp: 863–871.
- Peixoto, M. D. M. (2007). Variações sazonais no metabolismo de carbono e relações hídricas em espécies lenhosas do Cerrado de diferentes grupos funcionais.
- Pirani, F. R. *et al.* 2009. Fenologia de uma comunidade arbórea em cerrado sentido restrito, Barra do Garças, MT, Brasil. *Acta botânica brasileira*, vol 23, n° 4, pp: 1096 – 1109.
- Post, W. M., Pastor, J., King, A. W., & Emanuel, W. R. (1992). Aspects of the interaction between vegetation and soil under global change. In *Natural Sinks of CO₂* (pp. 345-363). Springer Netherlands.
- Prescott, C. E., & Grayston, S. J. (2013). Tree species influence on microbial communities in litter and soil: current knowledge and research needs. *Forest Ecology and Management*, 309, 19-27.
- Quirino, B. F. *et al.* 2009. Molecular phylogenetic diversity of bacteria associated with soil of the savanna-like Cerrado vegetation. *Microbiological Research*, vol 164, pp: 59 – 70.
- Raij, B. van; de Andrade J.C.; Cantarella, H. e Quaggio, J.A. 2001. Análise química para avaliação da fertilidade de solos tropicais. Campinas, Instituto Agrônômico, 285p.
- Raven, P.H. *et al.* 2005. *Biology of Plants*. Ed. 7, Worth Publishers, New York.
- RECOR – Reserva Ecológica do IBGE. 2015. www.recor.gov.br. Acesso em: 01/06/2017
- Reis Junior, F. B. e Mendes, I. C. 2007. Biomassa microbiana do solo. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, documentos 205. Disponível em: www.cpac.embrapa.br/download/1292/t.
- Reynolds, H. L., Packer, A., Bever, J. D., & Clay, K. (2003). Grassroots ecology: plant–microbe–soil interactions as drivers of plant community structure and dynamics. *Ecology*, 84(9), 2281-2291.

- Ribeiro, J. F. e Walter, B. M. T. Fitofisionomias do Bioma Cerrado. In: Sano, S. M. e Almeida, S. P. 1998. Cerrado: ambiente e flora. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, pp: 89 – 166.
- Rodrigues, T. *et al.* 2014. Seasonal Effects in a Lake Sediment Archaeal Community of the Brazilian Savanna. *Archaea*, vol. 2014, pp: 1 – 9.
- Saboya, P.A. 2014. Comparação de atributos foliares relacionados com o uso e a conservação de nutrientes entre grupos fenológicos em cerrado sentido restrito. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-graduação em Ecologia, Universidade de Brasília.
- Sanallah, M., Razavi, B. S., Blagodatskaya, E., & Kuzyakov, Y. (2016). Spatial distribution and catalytic mechanisms of β -glucosidase activity at the root-soil interface. *Biology and fertility of soils*, 52(4), 505-514.
- Scabora, M. H. *et al.* 2010. Crescimento, fosfatase ácida e micorrização de espécies arbóreas em solo de Cerrado degradado. *Bragantia*, Campinas, vol. 6, nº 2, pp: 445 – 451.
- Scheibe, A., Steffens, C., Seven, J., Jacob, A., Hertel, D., Leuschner, C., & Gleixner, G. (2015). Effects of tree identity dominate over tree diversity on the soil microbial community structure. *Soil Biology and Biochemistry*, 81, 219-227.
- Schimel, J., Becerra, C. A., & Blankinship, J. (2017). Estimating decay dynamics for enzyme activities in soils from different ecosystems. *Soil Biology and Biochemistry*, 114, 5-11.
- Seguel, A., Cumming, J. R., Klugh-Stewart, K., Cornejo, P., & Borie, F. (2013). The role of arbuscular mycorrhizas in decreasing aluminium phytotoxicity in acidic soils: a review. *Mycorrhiza*, 23(3), 167-183.
- Silva Júnior, M. C. 2012. 100 árvores do cerrado sentido restrito, guia de campo. 1. ed. Brasília: Rede de Sementes do cerrado, vol 1.
- Silvério, D.V. e Lenza, E. 2010. Fenologia de espécies lenhosas em um cerrado típico no Parque Municipal do Bacaba, Nova Xavantina, Mato Grosso, Brasil. *Biota Neotropical*, vol 10, nº 3, pp: 205 – 216.
- Simard, S. W., Perry, D. A., Jones, M. D., & Myrold, D. D. (1997). Net transfer of carbon between ectomycorrhizal tree species in the field. *Nature*, 388(6642), 579.
- Simon, L.; Lalonde, M. e Bruns, T. D. 1992. Specific amplification of 18S fungal ribosomal genes from vesicular–arbuscular endomycorrhizal fungi colonizing roots. *Applied and Environmental Microbiology*, vol 58, pp: 291–295.
- Smit, E. *et al.* 1999. Analysis of fungal diversity in the wheat rhizosphere by sequencing of cloned PCR-amplified genes encoding 18S rRNA and temperature gradient

- gel electrophoresis. *Applied Environmental Microbiology*, vol. 65, n° 6, pp : 2614 – 2621.
- Sousa, D. M. G; Lobato, E. *et al.* 2002. Cerrado – Correção do solo e adubação. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, pp :41.
- Symanczik, S., Courty, P. E., Boller, T., Wiemken, A., & Al-Yahya’ei, M. N. (2015). Impact of water regimes on an experimental community of four desert arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) species, as affected by the introduction of a non-native AMF species. *Mycorrhiza*, 25(8), 639-647.
- Tabatabai, M. A. e Bremner, J. M. Arylsulphatase activity os soils. In: Alef, K. e Nannipieri, P. 1995. *Methods in applied soil microbiology and biochemistry*. Academic Press, pp: 364 – 365.
- Talbot, J. M., Bruns, T. D., Smith, D. P., Branco, S., Glassman, S. I., Erlandson, S., ... & Peay, K. G. (2013). Independent roles of ectomycorrhizal and saprotrophic communities in soil organic matter decomposition. *Soil Biology and Biochemistry*, 57, 282-291.
- Tedersoo, L., Bahram, M., Cajthaml, T., Pöhlme, S., Hiiesalu, I., Anslan, S., Harend. H., Buegger. F., Pritsch. K., Koricheva. J & Abarenkov, K. (2016). Tree diversity and species identity effects on soil fungi, protists and animals are context dependent. *The ISME journal*, 10(2), 346-362.
- Thomazini, L. I. 1974. Mycorrhiza in plants of the “Cerrado”. *Plant and Soil*, vol. 41, pp: 707 – 711.
- Tiedje, J. M., Asuming-Brempong, S., Nüsslein, K., Marsh, T. L., & Flynn, S. J. (1999). Opening the black box of soil microbial diversity. *Applied soil ecology*, 13(2), 109-122. Torsvik, V., & Øvreås, L. (2002). Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. *Current opinion in microbiology*, 5(3), 240-245.
- Traving, S. J., Thygesen, U. H., Riemann, L., & Stedmon, C. A. (2015). A model of extracellular enzymes in free-living microbes: which strategy pays off?. *Applied and environmental microbiology*, 81(21), 7385-7393.
- Treseder, K. K. (2004). A meta-analysis of mycorrhizal responses to nitrogen, phosphorus, and atmospheric CO₂ in field studies. *New Phytologist*, 164(2), 347-355.
- Tsunoda, T., e van Dam, N. M. (2017). Root chemical traits and their roles in belowground biotic interactions. *Pedobiologia*.
- Urbanová, M., Šnajdr, J., & Baldrian, P. (2015). Composition of fungal and bacterial communities in forest litter and soil is largely determined by dominant trees. *Soil Biology and Biochemistry*, 84, 53-64.

- Vanwalleghem, T., Stockmann, U., Minasny, B., & McBratney, A. B. (2013). A quantitative model for integrating landscape evolution and soil formation. *Journal of Geophysical Research: Earth Surface*, *118*(2), 331-347.
- Venter, Z. S., Scott, S. L., Strauss, J., Jacobs, K., & Hawkins, H. J. (2017). Increasing crop diversity increased soil microbial activity, nitrogen-sourcing and crop nitrogen, but not soil microbial diversity. *South African Journal of Plant and Soil*, 1-8.
- Veum, K. S., Goyne, K. W., Kremer, R. J., Miles, R. J., & Sudduth, K. A. (2014). Biological indicators of soil quality and soil organic matter characteristics in an agricultural management continuum. *Biogeochemistry*, *117*(1), 81-99.
- Wagg, C., Bender, S. F., Widmer, F., & van der Heijden, M. G. (2014). Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *111*(14), 5266-5270.
- Weih, M., Asplund, L., & Bergkvist, G. (2011). Assessment of nutrient use in annual and perennial crops: A functional concept for analyzing nitrogen use efficiency. *Plant and Soil*, *339*(1-2), 513-520.
- Weih, M., Asplund, L., & Bergkvist, G. (2011). Assessment of nutrient use in annual and perennial crops: A functional concept for analyzing nitrogen use efficiency. *Plant and Soil*, *339*(1-2), 513-520.
- Whipps, J. M. (2001). Microbial interactions and biocontrol in the rhizosphere. *Journal of experimental Botany*, *52*(suppl_1), 487-511.
- Wolters, V., Silver, W. L., Bignell, D. E., Coleman, D. C., Lavelle, P., Van Der Putten, W. H., ... & Brussard, L. (2000). Effects of Global Changes on Above-and Belowground Biodiversity in Terrestrial Ecosystems: Implications for Ecosystem Functioning: We identify the basic types of interaction between vascular plants and soil biota; describe the sensitivity of each type to changes in species composition; and, within this framework, evaluate the potential consequences of global change drivers on ecosystem processes. *AIBS Bulletin*, *50*(12), 1089-1098.
- Xiang, D., Chen, B., & Li, H. (2016). Specificity and selectivity of arbuscular mycorrhizal fungal polymerase chain reaction primers in soil samples by clone library analyses. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science*, *66*(4), 333-339.
- Xu, X., Schimel, J. P., Janssens, I. A., Song, X., Song, C., Yu, G., ... & Thornton, P. (2017). Global pattern and controls of soil microbial metabolic quotient. *Ecological Monographs*.
- Yan, Y., Kuramae, E. E., de Hollander, M., Klinkhamer, P. G., & van Veen, J. A. (2016). Functional traits dominate the diversity-related selection of bacterial communities in the rhizosphere. *The ISME journal*.

Zhalnina, K., Dias, R., de Quadros, P. D., Davis-Richardson, A., Camargo, F. A., Clark, I. M., ... & Triplett, E. W. (2015). Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment. *Microbial ecology*, 69(2), 395-406.