



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS**

**ESTÁGIOS DE REGENERAÇÃO DA CAATINGA E DIVERSIDADE DE
FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES**

JOANA SUASSUNA DA NÓBREGA VERAS

**RECIFE
2018**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS**

**ESTÁGIOS DE REGENERAÇÃO DA CAATINGA E DIVERSIDADE DE
FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos do Departamento de Micologia do Centro de Biociências da Universidade Federal de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Biologia de Fungos.

Orientadora: Dra. Leonor
Costa Maia
Co-orientadora: Dra. Indra
Elena Costa Escobar

**RECIFE
2018**

Catálogo na fonte

Elaine C Barroso (CRB4/1728)

Veras, Joana Suassuna da Nóbrega

Estágios de regeneração da Caatinga e diversidade de fungos micorrízicos arbusculares / Joana Suassuna da Nóbrega Veras- 2018.

74 folhas: il., fig., tab.

Orientadora: Leonor Costa Maia

Coorientadora: Indra Elena Costa Escobar

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Pernambuco. Centro de Biociências. Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos. Recife, 2018.

Inclui referências e apêndice

1. Fungos micorrízicos arbusculares 2. Ecossistema semiárido modulador 3. Vegetação I. Maia, Leonor Costa (orient.) II. Escobar, Indra Elena Costa (coorient.) III. Título

579.5

CDD (22.ed.)

UFPE/CB-2019-105

**ESTÁGIOS DE REGENERAÇÃO DA CAATINGA E DIVERSIDADE DE
FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES**

JOANA SUASSUNA DA NÓBREGA VERAS

Data da aprovação: 28/03/2018

COMISSÃO EXAMINADORA

MEMBROS TITULARES

Dra. Leonor Costa Maia (Orientadora)
Universidade Federal de Pernambuco

Dra. Adriana M. Yano-Melo– Examinador Interno
Universidade Federal do Vale do São Francisco

Dra. Maria Rodal– Examinador Externo
Universidade Federal Rural de Pernambuco

As dificuldades que passei nesta jornada foram grandes adversárias, por isso às minhas amigas Indra, Vilma e Araeska,

Dedico.

“Aqueles que passam por nós, não vão sós, não nos deixam sós. Deixam um pouco de si, levam um pouco de nós.”

Antoine de Saint-Exupery

AGRADECIMENTOS

A Deus principal responsável por tudo isso. Principalmente pela vida, pela força e por tudo que fez e continua fazendo em minha vida.

Aos meus pais, Alexandre e Maria e ao meu irmão Ariano pelo apoio, a sabedoria, o amor e a paciência em todos os momentos. Às minhas avós Zélia e Iraci e aos meus avôs Nonato e Ariano. Aos meus tios, primos e primas pela torcida.

À Indra e Vilma, Araeska pela paciência, ajuda nas coletas, na execução e correção do trabalho. Por estarem ao meu lado em todos os momentos.

A Silvio pelo auxílio na coleta e por, juntamente com Indra, me receber tão bem em sua casa.

À Profa. Leonor Costa Maia que me acompanha desde a graduação pela orientação, apoio, incentivo, disponibilidade e confiança ao longo de todos esses anos, por ter tornado alguns desafios mais leves e por acreditar que eu poderia contribuir de alguma forma para o conhecimento e para a ciência.

À Pós-Graduação em Biologia de Fungos pela oportunidade da realização deste mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo e financiamento do meu projeto.

Aos alunos de Iniciação Científica Gabriel e Jailma que me auxiliaram durante a execução deste trabalho.

Aos colegas do Laboratório de Micorrizas, Ingrid, Marco, Juliana, Iolanda, Dani, Larissa, José Hilton e Natália por tornarem as horas de trabalho mais agradáveis principalmente durante os nossos “cafês” diários.

À Iolanda pelo auxílio nas análises dos dados e pelas importantíssimas considerações, além de ter sido solícita e paciente.

Ao Professor Fritz Oehl e a Dra. Daniella Karla pela ajuda na identificação das espécies.

À Profa. Adriana Mayumi e todos os alunos do Laboratório de Microbiologia da Univasf, em especial à Raianne, Luiz, Karen, Valdirene, Aline e Maria Eugênia pelos momentos de descontração e aprendizagem durante a minha estadia em Petrolina.

Aos colegas que me acompanham na vida acadêmica, em especial, aos amigos Renato Alvarenga, José Ribamar, os quais sempre estiveram ao meu lado, apoiando, incentivando, criticando e construindo a amizade que hoje dividimos.

Aos meus amigos Maria Luiza, Lucas, Manuella, Cacá, Larissa, Rachel, Raissa, Nany, Carol, Rorinha, Aninha, Duda, Cati, Marcela, Clara, Isis, Rafaela, sem vocês seria impossível chegar até aqui.

Ao meu namorado, Thiago, pela dedicação, amor e compreensão, principalmente nos dias em que estive ausente. Não poderia haver companheiro melhor. Obrigada por acreditar em mim e no meu trabalho, serei infinitamente grata.

Finalmente, gostaria de agradecer a todos que de alguma forma contribuíram para execução deste trabalho.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classificação do subfilo Glomeromycotina.....	21
Tabela 2. Espécies de FMA registradas em áreas da Caatinga no semiárido.....	28
Tabela 3. Localização geográfica e altitude das áreas de coleta no PARNA do Catimbau – PE.	36
Tabela 4. Propriedades físicas dos solos das áreas em diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	42
Tabela 5. Propriedades químicas dos solos das áreas em diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).	42
Tabela 6. Análise da PERMANOVA das propriedades físicas e químicas em solos das áreas em regeneração e com vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	43
Tabela 7. Número de glomerosporos e colonização micorrízica em áreas de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	43
Tabela 8. Espécies de FMA identificadas nas amostras de culturas armadilhas e do campo; abundância e frequência relativa em áreas de regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	44
Tabela 9. Riqueza por amostra (S), índices de diversidade de Margalef (d) e de Shannon (H'); equitabilidade de Pielou (J') e dominância de Simpson (D) em solos com diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).	51
Tabela 10. Análise da PERMANOVA da comunidade de planta e da assembleia de FMA nos diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).	52
Tabela 11. Espécies de plantas identificadas nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	72

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Classificação dos FMA em competidoras (C), tolerante ao estresse (S) e ruderais (R).	24
Figura 2. Mapa do PARNA do Catimbau demarcado com as áreas de coleta.	36
Figura 3. Áreas de coleta no PARNA do Catimbau (PE).....	38
Figura 4. <i>Grid</i> de 30x30m estabelecido nos estágios de regeneração e na vegetação natural.	38
Figura 5. Número de espécies em cada família de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau.	51
Figura 6. Representatividade, em percentagem, de cada gênero de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau –PE.	51
Figura 7. Curva de acumulação (a) e extrapolação (b) de espécies de FMA considerando as áreas de regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).	52
Figura 8. Diagrama de Venn da riqueza de táxons de FMA entre as áreas em regeneração e com vegetação natural, no PARNA do Catimbau (PE).....	53
Figura 9. Representatividade do número de táxons em cada ordem de FMA em todas as áreas estudadas (regeneração e vegetação natural) no PARNA do Catimbau (PE).	53
Figura 10. Riqueza e abundância relativa de FMA nas áreas em estágios de regeneração no PARNA de Catimbau-PE.	55
Figura 11. <i>Betadisper</i> das assembleias de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	56
Figura 12. NMDS da distribuição das assembleias de FMA, entre as áreas em regeneração e de vegetação natural do no PARNA do Catimbau (PE), com base nas variáveis ambientais.	57
Figura 13. Diagrama representando a partição da variância para as assembleias de FMA dividida entre os dois conjuntos de variáveis explicativas: variáveis ambientais (plantas e propriedades espaciais) e propriedades edáficas.	57
Figura 14. Correlação das variáveis ambientais correlacionadas com a riqueza e o índice de equitabilidade (Pielou) de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).....	58

SUMÁRIO

RESUMO	10
ABSTRACT	11
1. INTRODUÇÃO	12
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	14
2.1. CARACTERÍSTICAS GERAIS DA CAATINGA.....	14
2.2. PARQUE NACIONAL DO CATIMBAU	15
2.3. REGENERAÇÃO NATURAL EM AMBIENTE SEMIÁRIDO.....	16
2.3. MICORRIZAS ARBUSCULARES	18
2.4. DIVERSIDADE E ECOLOGIA DE FMA.....	22
2.5. FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES NA CAATINGA.....	25
2.6. FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EM ÁREAS DE REGENERAÇÃO NATURAL.....	32
3. MATERIAL E MÉTODOS	34
3.1. ÁREA DE ESTUDO	34
3.2. COLETA.....	35
3.3. AVALIAÇÕES	37
3.3.1. Propriedades químicas e físicas do solo.....	37
3.3.2. Colonização radicular	37
3.3.2. Cultura armadilha.....	37
3.3.4. Número de glomerosporos e identificação morfológica dos FMA.....	38
3.4. ANÁLISES ECOLÓGICAS	38
3.4.1. Índices ecológicos	38
3.4.2. Frequência e abundância relativa	38
4. RESULTADOS	41
5. DISCUSSÃO	56
6. CONCLUSÕES	63
REFERÊNCIAS	64
APÊNDICE A	72

RESUMO

Os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) são importantes componentes do sistema solo-planta e formam associação simbiótica com as raízes da maioria das espécies vegetais. A associação micorrízica arbuscular é fundamental para manutenção de ecossistemas naturais, principalmente em ambientes semiáridos, sujeitos a perturbações antrópicas e sazonalidade. As espécies de FMA possuem estratégias de vida variadas, referentes à translocação de P, armazenamento de carbono, investimento relativo em biomassa extrarradicular ou intrarradicular, e outras, resultam em consequências ecológicas que podem ser previstas de acordo com a presença ou ausência dos diferentes grupos funcionais de FMA no ambiente. Este trabalho teve como objetivo avaliar a composição e distribuição de assembleias de FMA em áreas naturais (vegetação natural) e em processo de regeneração espontânea na Caatinga, e verificar como as mudanças nas propriedades do solo e na comunidade vegetal ao longo do tempo afetam a composição e a distribuição desses fungos. Amostras de solo foram coletadas em julho/2016, em três estágios de regeneração (inicial, intermediária e tardia) e uma área com vegetação natural. No total foram identificados 52 táxons de FMA que representam 46% das espécies conhecidas para a Caatinga (113). *Acaulospora* e *Glomus* foram os gêneros mais representativos, sugerindo que suas espécies suportam melhor as condições ambientais do PARNA do Catimbau. *Acaulospora lacunosa* é indicadora de áreas de vegetação natural na Caatinga. No PARNA do Catimbau, as assembleias de FMA e a comunidade vegetal não diferiram quanto à distribuição e composição de espécies entre as áreas estudadas. As assembleias de FMA também não diferiram quanto à riqueza, os índices de diversidade (de Margalef e de Shannon) e de dominância (de Simpson). Entretanto, o índice de equitabilidade (de Pielou) foi maior para o estágio de regeneração tardia (0,81) e menor para a área de regeneração intermediária (0,66). A partição da variância demonstrou que os estágios de regeneração não estão influenciando a ocorrência dos FMA e, embora não tenha ficado bem definido, o fator que se mostra mais determinante da composição das assembleias de FMA é o substrato, sendo as propriedades físicas do solo (areia fina, areia grossa e argila) os principais moduladores da distribuição desses fungos nas áreas estudadas.

Palavras-chave: associação micorrízica, ecossistema semiárido modulador, vegetação

ABSTRACT

Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are important components of the soil-plant system and form a symbiotic association with the roots of most plant species. The arbuscular mycorrhizal association is fundamental for the maintenance of natural ecosystems, mainly in semi-arid environments, subject to anthropic disturbances and seasonality. AMF species have varied life strategies related to P translocation, carbon storage, relative investment in extraradicular or intraradicular biomass, and others, resulting in ecological consequences that can be predicted according to the presence or absence of the different functional groups of AMF in the environment. In order to evaluate the composition and distribution of AMF assemblages in natural areas (natural vegetation) and spontaneous regeneration process in the Caatinga, and how changes in soil and plant community properties over time affect the composition and distribution of these fungi. Soil samples were collected in July/2016, in three stages of regeneration (initial, intermediate and late) and an area with natural vegetation. In total, 52 taxa of AMF represent 46% of the known Caatinga species (113). *Acaulospora* and *Glomus* were the most representative genera and their species better support the environmental conditions of the Catimbau PARNA. *Acaulospora lacunosa* is indicative of areas of natural vegetation in the Caatinga. In the PARNA of Catimbau, the assemblies of AMF and the plant community did not differ regarding the distribution and composition of species among the studied areas. The AMF assemblies also did not differ in terms of wealth, diversity (Margalef and Shannon) and dominance (Simpson). However, the equitability index (Pielou) was higher for the late regeneration stage (0.81) and lower for the intermediate regeneration area (0.66). The partitioning of the variance showed that the regeneration stages are not influencing the occurrence of AMF and, although it has not been well defined, the most important factor determining the composition of AMF assemblies is the substrate (fine sand, coarse sand and clay) the main modulators of the distribution of these fungi in the studied areas.

Key words: mycorrhizal association, semi-arid modulator ecosystem, vegetation

1 INTRODUÇÃO

Os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) formam associação simbiótica com as raízes da maioria das espécies vegetais e são componentes fundamentais do sistema solo-planta (SMITH; READ, 2008). Esses fungos conferem aos seus hospedeiros estratégias adaptativas às condições de baixa disponibilidade de água e de nutrientes, facilitando o estabelecimento de plantas, além de auxiliarem na agregação e na qualidade do solo (SMITH; READ, 2008). Dessa forma, a associação micorrízica arbuscular é fundamental para manutenção de ecossistemas naturais, principalmente em ambientes semiáridos (PEDONE-BONFIM et al., 2018), sujeitos a perturbações antrópicas e sazonalidade.

Os ecossistemas semiáridos vêm sofrendo forte pressão antrópica, principalmente com a conversão de ecossistemas naturais em áreas agrícolas (SFAIR et al., 2018). Além da perda de diversidade, as perturbações antrópicas podem alterar as propriedades edáficas, levando à diminuição da produtividade vegetal e ao aumento de remanescentes florestais em diferentes estágios de sucessão secundária (AYALA-OROZCO et al., 2018; SOBRINHO et al., 2016).

Devido às condições limitantes dos ambientes semiáridos, os processos de regeneração e sucessão em remanescentes florestais podem transcorrer mais lentamente (ARAÚJO FILHO, 2013), estando esses processos diretamente relacionados a uma série de fatores como intensidade e/ou tipo de perturbação, grau de degradação do solo e presença de condições favoráveis ao desenvolvimento das plantas (CARRILLO-SAUCEDO et al., 2018; SOBRINHO et al., 2016). Nesse contexto, os FMA têm papel relevante, favorecendo o estabelecimento das comunidades vegetais e a melhoria da qualidade do solo (KOZIO; BEVER 2017; KOHLER et al., 2017).

As propriedades do solo têm sido mencionadas como fatores relevantes na composição das assembleias de FMA, em alguns casos sendo mais importantes para determinar a ocorrência e regular a composição das espécies de FMA do que a comunidade vegetal (OEHL et al., 2010). Para o semiárido, estudos abordando a dinâmica e a distribuição de FMA em relação às mudanças das propriedades do solo e da comunidade vegetal durante processos de regeneração ainda são escassos.

As espécies de FMA apresentam diferentes estratégias de vida relacionadas ao investimento em biomassa extrarradicular ou intrarradicular e aos benefícios da

simbiose como translocação de fósforo (P), resistência a infecção de doenças e outros (CHAGNON et al., 2013). Ademais, a funcionalidade dos FMA pode ser relacionada à presença ou ausência de determinada espécie no ambiente (CHAGNON et al., 2013). Dados relacionados à diversidade, abundância e composição dos FMA podem fornecer subsídios para compreender a distribuição das espécies de FMA e sua interação com as variáveis ambientais ao longo da regeneração em ecossistemas semiáridos.

Um dos biomas áridos mais diversos do mundo, a Caatinga abrange uma área com aproximadamente um milhão de quilômetros quadrados que corresponde a aproximadamente 70% da região Nordeste e 11% do território nacional (SILVA et al., 2017). Apesar do alto endemismo e diversidade, apenas 8,4% da área encontra-se protegida em Unidades de Conservação (UCs) e desses 1,13% em Unidades de Proteção Integral (UPI) (FONSECA et al., 2017).

O Parque Nacional (PARNA) do Catimbau em Pernambuco representa uma das mais importantes UCs da Caatinga, sendo prioritária para pesquisa científica (FREIRE, 2015). Embora constitua uma UPI, cerca de 300 famílias residem no local onde desenvolvem atividades (extração de madeira, criação de caprinos e bovinos e agricultura de subsistência) que impõem forte pressão ambiental sobre os recursos naturais, principalmente sobre a vegetação natural, levando à formação de remanescentes florestais (RITO et al., 2017).

Com o objetivo de avaliar a composição e distribuição de assembleias de FMA em áreas naturais (vegetação natural) e em processo de regeneração espontânea na Caatinga, e como as mudanças nas propriedades do solo e na comunidade vegetal ao longo do tempo afetam a composição e a distribuição desses fungos, foram testadas três hipóteses: i) a composição das assembleias de FMA muda durante a regeneração da vegetação e difere da encontrada em áreas de vegetação natural, com maior número de espécies ruderais no início da regeneração; ii) as diferenças na composição e distribuição dos FMA entre os estágios de regeneração e a vegetação natural ocorrem em função de mudanças nas propriedades do solo e na comunidade vegetal; iii) é possível definir espécies de FMA indicadoras de áreas em estágios de regeneração e de áreas de vegetação natural. Dados sobre a ocorrência de FMA na Caatinga foram revisados e os resultados dos estudos aqui realizados são apresentados e discutidos nesta dissertação.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 CARACTERÍSTICAS GERAIS DA CAATINGA

O bioma Caatinga encontra-se inserido na região semiárida do Brasil e ocupa uma área de 912.529 km², o que corresponde a aproximadamente 70% da região Nordeste e 11% do território nacional (SILVA et al., 2017). A sua área abrange parte dos estados do Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, sudeste do Piauí, oeste de Alagoas e Sergipe, região norte e central da Bahia, e uma parte de Minas Gerais e do Maranhão (SILVA et al., 2017).

O clima é quente e seco, com baixa umidade do ar, altas temperaturas (23 a 30°C) e elevada evapotranspiração (1500 a 2000 mm/ano). A precipitação anual varia entre 300 e 1300 mm, porém metade do bioma recebe menos de 780 mm/ano (ANDRADE et al., 2017b). A sazonalidade é um fator importante na disponibilidade de água, sendo um dos principais moduladores ambientais desse ecossistema, responsável por conduzir a diversidade e a atividade biológica de diferentes grupos de organismos.

Apesar de retratado muitas vezes como um bioma homogêneo, a Caatinga apresenta variadas formações vegetacionais decorrentes da instabilidade pluviométrica, arranjo do relevo e estrutura geológica (ANDRADE et al., 2017b). No geral, a vegetação é arbóreo-arbustiva ramificada e espinhosa, com folhas reduzidas ou modificadas em espinhos e que caem durante a estação seca. Essas características permitem que as espécies de plantas que compõem a Caatinga permaneçam vivas sob longos períodos de estiagem (ANDRADE et al., 2017b).

Os solos da Caatinga são predominantemente rasos, com texturas que diferem quanto ao material de origem, podendo ser desde arenosos, com baixa capacidade de retenção de água e fácil percolação, a solos argilosos, com moderada drenagem e permeabilidade lenta (SAMPAIO, 2010). Embora pobres em matéria orgânica e bastante susceptíveis à erosão, esses solos são ricos em sais minerais solúveis (ALVES; ARAÚJO; NASCIMENTO, 2009). As principais classes de solo encontradas são Latossolos (24%), Neossolos Litolíticos (18,2%), Argisolos (15,2%) e Luvisolos (12,9%) (ANDRADE et al., 2017b).

A Caatinga é a região semiárida mais povoada do mundo (mais de 28,6 milhões de pessoas), onde boa parte da sua população encontra-se inserida na zona rural e depende dos recursos naturais para sobreviver (SILVA et al., 2017). As práticas relacionadas à agricultura (corte e queima), pastoreio (caprinos e bovinos), mineração e

extração de madeira, vem sendo exercidas durante séculos e constituem distúrbios antropogênicos crônicos, afetando aproximadamente 63% das áreas naturais (SILVA; BARBOSA 2017). Estima-se que 80% da Caatinga estão em processo de sucessão secundária (VIVEIRA et al., 2013).

Devido à vulnerabilidade natural dos sistemas ambientais no semiárido brasileiro, conservacionistas dedicam grande parte da sua pesquisa à criação de áreas protegidas. As Unidades de Conservação (UCs) são instrumentos de fundamental importância para a manutenção do equilíbrio ecológico e preservação da biodiversidade no seu habitat natural (MEDEIROS et al., 2011). Apesar de representar um patrimônio biológico e paisagístico de valor inestimável, a Caatinga está cada vez mais exposta às perturbações antrópicas e apenas 8,4% de sua área inserida em Unidades de Conservação e destes, 1,13% estão concentrados em Unidades de Proteção Integral (FONSECA et al., 2017).

2.2 PARQUE NACIONAL DO CATIMBAU

Dentre as UCs, o Parque Nacional (PARNA) do Catimbau, criado em 22 de agosto de 2002 (Decreto 913/12) está localizado em Pernambuco e distribuído entre os municípios de Buíque (12.438ha), Tupanatinga (23.540ha) e Ibimirim (24.809ha) (FREIRE, 2015). A temperatura média anual no PARNA Catimbau é de 25 °C e a precipitação média anual varia de 650 mm a 1100 mm, registrada entre os meses de abril a junho podendo se estender até julho. Além da variação temporal (mensal e anual), ocorre também a variação espacial das precipitações pluviométricas, onde áreas mais elevadas estão sujeitas a chuvas orográficas (FREIRE, 2015).

As diferentes fitofisionomias são um reflexo da relação do clima, solo e relevo com a vegetação, resultando em extratos herbáceos, arbustivos e arbóreos com o predomínio das famílias: Asteraceae, Bignoniaceae, Cactaceae, Convolvulaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Malvaceae, Malpighiaceae, Myrtaceae e Sapindaceae (ANDRADE et al., 2004; FIGUEIRÊDO et al., 2000; GOMES et al., 2006, RITO et al., 2017).

Em virtude da sua extensão territorial, sobretudo pela variabilidade de sua paisagem, elevada riqueza biológica e endemismo, o PARNA do Catimbau representa uma das mais importantes UCs da Caatinga (FREIRE, 2015).

Nesse panorama, diversos estudos vêm sendo desenvolvidos no PARNA do Catimbau, relacionados principalmente ao Programa de Pesquisa de Longa Duração

(PELD) devolvido por pesquisadores da Universidade Federal de Pernambuco com a colaboração de diversas instituições e financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). O PELD Catimbau representa uma das mais importantes pesquisas para a documentação da diversidade e das relações entre diferentes comunidades biológicas no ambiente semiárido da Caatinga, tendo como referência teórica macro-tendências já documentadas nos trópicos.

Os estudos do PELD Catimbau abordam a relevância da UC como instrumento de preservação da biota da Caatinga. Os dados gerados pelo PELD demonstram que o PARNA do Catimbau constitui importante reserva de fungos, com dois novos gêneros (*Bulbospora* e *Intraornatopora*) e duas novas espécies (*Bulbospora minima* e *Intraornatopora intraornata*) de FMA (GOTO et al., 2009; MARINHO et al., 2014); nova espécie de Basidiomycota (*Amanita lippiae*) (WARTCHOW et al., 2009); com uma nova ordem (Bezerromycetales) e duas espécies *Bezerromyces brasiliensis* e *B. pernambucoensis* de fungos endofíticos (BEZERRA et al., 2017) e alta diversidade de fungos filamentosos (85 espécies), incluindo fungos anamórficos (71 espécies), Zygomycota (8) e Ascomycota (6) (OLIVEIRA et al., 2013). Além disso, no PARNA Catimbau foi realizado o primeiro relato de um fungo estromático causador de mancha-de-piche (*Phyllachora serjaniicola*) associado à *Cardiospermum grandiflorum* (PEREIRA et al., 2010) e duas novas espécies de líquens (*Astrothelium inspersaeneum* e *Diorygma longisporum*) (LIMA et al., 2013).

Embora o PARNA Catimbau esteja inserido numa categoria de UC mais restritiva (Unidade de Proteção Integral - UPI), não sofreu desapropriação e cerca de 300 famílias continuam residindo no local onde desenvolvem atividades que impõem forte pressão ambiental sobre os recursos naturais, principalmente sobre a vegetação natural (RITO et al., 2017). Desse modo, a presença histórica dos moradores deu origem a um enorme mosaico em termos de uso do solo e pressão antrópica sobre a biota, tornando o Catimbau um excelente local para investigar como a extração de madeira, a criação de caprinos e bovinos, a agricultura de subsistência e a formação de fragmentos florestais influenciam a biota da Caatinga.

2.3 REGENERAÇÃO NATURAL EM AMBIENTE SEMIÁRIDO

Historicamente, os processos de regeneração e sucessão vêm sendo investigados desde o século XIX com destaque para os estudos de Clements (1916) e Gleason (1926). Segundo Clements (1916) a trajetória sucessional é totalmente previsível e

deveria convergir para uma organização estável, um clímax. Por outro lado, Gleason (1926) defende que a sucessão seria o resultado de processos estocásticos dependentes da ação individualista das espécies. Assim, as comunidades seriam meros acasos de conjuntos de espécies, com requerimentos semelhantes (KINGSLAND, 1991).

Pouco se sabe sobre o potencial de regeneração natural na Caatinga. No entanto, em oposição à sucessão ecológica progressiva, a qual se caracteriza pelo acúmulo de espécies, biomassa e complexidade estrutural ao longo do tempo (HARPER, 1977), parte da Caatinga parece estar passando por um processo de sucessão ecológica retrogressiva no qual paisagens submetidas a atividades antrópicas tendem continuamente a perder espécies e simplificar sua estrutura biológica (TABARELLI et al., 2008).

Em ecossistemas submetidos à restrição hídrica, tal como a Caatinga, o processo de regeneração natural pode acontecer de forma tardia e a sucessão transcorre mais lentamente (ARAÚJO FILHO, 2013). Estudos demonstram que as perturbações antrópicas associadas ao déficit hídrico afetam a regeneração e o funcionamento da Caatinga, assim como em outras regiões semiáridas. Em um estudo no PARNA do Catimbau, Rito et al. (2017) observaram que a precipitação anual e os distúrbios antrópicos foram os principais preditores da composição e estruturação da vegetação. Em áreas de floresta seca em regeneração no México, Maza-Villalobos et al. (2013) observaram que a riqueza de plantas e os parâmetros demográficos não foram afetados pelo estágio de regeneração (idades) e sim, pelas mudanças sazonais.

Os estudos da regeneração natural em áreas anteriormente antropizadas devem passar por várias etapas, começando com o acompanhamento inicial do estabelecimento das plântulas e terminando na dinâmica florestal em estágios avançados de sucessão. Em geral, como a sucessão da vegetação pode demorar muitos anos (>100 anos), acompanhar a evolução da vegetação nem sempre é possível e as pesquisas desenvolvidas em áreas sob regeneração natural normalmente se baseiam no histórico do uso (tempo de uso), subdividindo-os em estágios com diferentes de idades. Mesmo que arbitrária esta metodologia auxilia na interpretação da dinâmica espaço-temporal de diferentes organismos (SALOMÃO; IANNUZZI, 2017; SOUSA et al., 2014)

Os distúrbios antrópicos juntamente com as variáveis ambientais, podem agir como forças seletivas sobre os organismos e influenciar nas relações intra e interespecífica durante os processos sucessionais e retardar a regeneração natural (LEAL et al., 2017). Nessas condições, a ausência de um dos organismos envolvidos na

relação pode alterar significativamente múltiplos níveis biológicos, incluindo os padrões de resiliência das comunidades biológicas desses ambientes (LEAL et al., 2014).

O potencial regenerativo de um ecossistema pode ser avaliado a partir de uma ampla variedade de atributos, incluindo desde a comunidade de plantas terrestre com o crescimento e a produtividade das florestas, propriedades do solo, comunidades microbianas e faunísticas (AYALA-OROZCO et al., 2018; SALOMÃO; IANNUZZI, 2017; SOUSA et al., 2014). O estudo dos atributos microbianos do solo pode ajudar a entender os resultados dos diferentes impactos antrópicos nas comunidades e o rumo de sua trajetória. A biota do solo exerce papel fundamental durante a regeneração, pois são essenciais nos processos de transformação de matéria e energia, importantes para o funcionamento e o equilíbrio dos ecossistemas (FILLIP, 2002).

Considerando o aumento de áreas em sucessão secundária em ambientes semiáridos, observa-se um crescente interesse em compreender o componente microbiano do solo. No entanto, levando em consideração o papel ecológico dos micro-organismos, no Brasil essa perspectiva ainda tem sido pouco abordada. Nesse contexto, os fungos micorrízicos arbusculares (FMA), importante grupo de micro-organismo do solo, são fundamentais para o estabelecimento da vegetação e manutenção de ecossistemas naturais, principalmente em ambientes semiáridos (PEDONE-BONFIM et al., 2018).

2.3 MICORRIZAS ARBUSCULARES

A associação micorrízica arbuscular (MA) é um tipo de simbiose estabelecida entre fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e raízes da maioria das plantas (SMITH; READ, 2008); é a associação benéfica mais antiga que se tem conhecimento, existindo há mais de 450 milhões de anos. Acredita-se que essa simbiose tenha contribuído para a ocupação do ambiente terrestre pelas plantas vasculares (LANFRANCO et al., 2016).

A simbiose caracteriza-se pela formação de arbúsculos no córtex radicular, principal sítio de troca entre a planta e o fungo (SMITH; READ 2008). Além dos arbúsculos, os FMA podem formar vesículas intrarradiculares, ou células auxiliares no solo, que têm como função armazenar nutrientes, auxiliando possivelmente na formação e no desenvolvimento dos glomerosporos (SOUZA; DECLERCK, 2003). O estabelecimento da simbiose envolve uma série de interações entre o FMA, o hospedeiro e o meio. Em condições favoráveis (umidade, luminosidade, pH, quantidade de nutrientes, e outros), o glomerosporo, principal estrutura de reprodução, germina e as

novas hifas formadas são conduzidas via sinalização química até a raiz onde se diferenciam para formar a associação MA (SMITH; READ 2008).

Os glomerosporos podem ser produzidos intra e extrarradicularmente e constituem a principal estrutura de propagação e disseminação dos FMA. As hifas têm função propagativa e atuam disponibilizando nutrientes e estabilizando as partículas do solo (VAN DER HEIJDEN et al., 2003). Os FMA aumentam a transferência de água e nutrientes do solo para a planta proporcionando inúmeros benefícios indiretos aos hospedeiros, como o ganho de biomassa vegetal e aumento dos mecanismos de defesa, especialmente os causados por patógenos radiculares (BONFANTE; GENRE, 2010; BERBARA et al., 2006), promovendo ainda maior tolerância aos estresses hídricos e salino (YANO-MELO et al., 2003; HU et al., 2017).

Os FMA constituem um grupo diverso, tanto em termos de número de espécies quanto em função. Atualmente, numa abordagem multidisciplinar, os FMA estão inseridos no filo Mucoromycota e subfilo Glomeromycotina sendo representados em três classes, cinco ordens, 16 famílias, 41 gêneros e mais de 300 espécies descritas (BLASZKOWSKI et al., 2012, 2015, 2017; BLASZKOWSKI; CHWAT, 2013; GOTO et al., 2012; MARINHO et al., 2014; OEHL et al., 2011; OEHL et al., 2014; ÖPIK; DAVISON, 2016; SPATAFORA et al., 2016; SYMANCZIK et al., 2018) (Tabela 1).

A ontogenia e a estrutura das paredes dos glomerosporos são as principais características levadas em consideração na taxonomia clássica ou morfológica desse grupo (MORTON; BENNY, 1990). A cor, o tamanho, a forma, a estrutura de sustentação, as ornamentações e as reações histoquímicas também são importantes caracteres morfológicos que auxiliam na identificação das diferentes espécies de FMA (OEHL, 2011; SCHENCK; PEREZ, 1988). No entanto, o sistema de identificação baseado, exclusivamente, na morfologia pode ser dificultado, uma vez que os esporos obtidos de amostras do campo podem apresentar a estrutura da parede degradada, inviabilizando a identificação precisa das espécies. Nesse contexto, as análises moleculares constituem uma ferramenta importante para auxiliar na identificação dos FMA (LÓPEZ-GARCÍA et al., 2017; GARCÍA DE LEÓN et al., 2016).

As técnicas moleculares podem proporcionar diferentes graus de resolução para avaliar e identificar os FMA, permitindo interpretar de forma mais sensível a diversidade estrutural em amostras ambientais de solo e raiz (GARCÍA DE LEÓN et al., 2016). Embora as técnicas moleculares forneçam informações relevantes sobre a ecologia e filogenia dos FMA, o uso dessas técnicas ainda é limitado pelo alto custo e

complexidade genética desses fungos (WETZEL et al., 2014). Assim estudos recentes utilizam a morfologia para conhecer a composição das comunidades de FMA (CARRILO-SAUCEDO et al., 2018; SOUSA et al., 2018, fornecendo subsídios para o entendimento do papel multifuncional desses fungos nos ecossistemas (SILVA et al., 2015).

Tabela 1. Classificação do subfilo Glomeromycotina.

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

Fonte: Adaptado de Oehl et al. (2011) com atualizações (BLASZKOWSKI et al., 2012, 2015, 2017; BLASZKOWSKI; CHWAT, 2013; GOTO et al., 2012; MARINHO et al., 2014; OEHL et al., 2014; ÖPIK; DAVISON, 2016; SPATAFORA et al., 2016; SYMANCZIK et al., 2018).

2.4 DIVERSIDADE E ECOLOGIA DE FMA

O conhecimento da diversidade de espécies de FMA e dos mecanismos modulares das comunidades é importante para o entendimento do papel multifuncional desempenhado por esses micro-organismos nos ecossistemas. Os estudos da diversidade de FMA são baseados em informações de riqueza de espécies, distribuição e abundância e índices ecológicos. Existem diversos índices de diversidade e entre os mais utilizados estão os de Shannon e Margalef. Além desses, também são aplicados os índices de dominância de Simpson e de equitabilidade de Pielou.

A diversidade e a distribuição dos FMA têm sido influenciadas principalmente por hospedeiros vegetais e condições ambientais tanto em ambientes naturais quanto antropizados. Como biotróficos obrigatórios os FMA podem ter a diversidade e estrutura da comunidade influenciada pela diversidade de plantas, existindo uma tendência de aumento da diversidade desses fungos em função da diversidade vegetal (VAN DER HEIJDEN et al., 1998). Estudos têm demonstrado que a diversidade de plantas apresenta uma relação positiva com a diversidade de FMA (GARCÍA DE LÉON et al., 2016; HIIESALU et al., 2014).

Ao conduzir um experimento sobre a morfologia e o crescimento dos FMA, Koch et al. (2017) sugeriram que o crescimento e o desenvolvimento de diferentes estruturas fúngicas de isolados de FMA foram significativamente afetados pela identidade do hospedeiro.

Por outro lado, diversas pesquisas têm demonstrado que as características do hospedeiro como hábito, grupo ecológico, arquitetura raiz e estágio de desenvolvimento da planta (CARRILLO-SAUCEDO et al., 2018; LOPÉZ-GARCÍA et al., 2017; ZANGARO et al., 2012), atuam como fator seletivo, influenciando a assembleia de FMA. Entretanto, como os FMA apesentam pouca ou nenhuma especificidade quanto ao hospedeiro (DAVISON et al., 2015), nem sempre essa relação tem sido verificada (CARRILLO-SAUCEDO et al., 2018). Nesse aspecto, as variáveis edáficas como disponibilidade de nutrientes do solo (principalmente o P), o teor de argila, tipo de solo e temperatura são algum dos fatores moduladores na composição e distribuição dos FMA (BENEDICTE et al., 2017; CARRILLO-SAUCEDO et al., 2018; SOUSA et al., 2018;

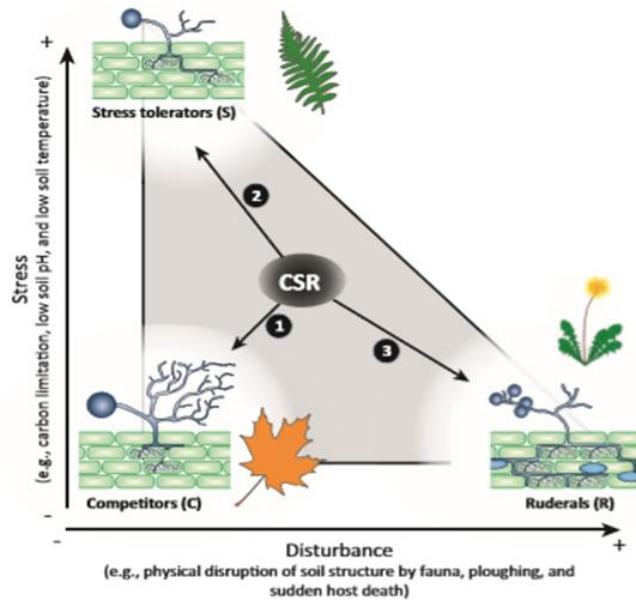
Embora o conhecimento sobre a ecologia dos FMA tenha progredido significativamente, aspectos importantes ainda precisam ser elucidados e diversas

hipóteses têm sido propostas buscando esclarecer a estruturação e a distribuição das assembleias de FMA (TESTE; DICKIE, 2017). Dumbrell et al. (2010) observaram que tanto a adaptação local quanto os processos estocásticos exercem forte influência na composição da comunidade de FMA. De acordo com Hart et al. (2001), a assembleia de FMA durante a sucessão é conduzida por interações fungo-hospedeiro, e os FMA são classificados como “*passenger*” (passageiro), quando dependem de hospedeiros ou de “*driver*” (condutor), quando moldam as comunidades de planta.

Mais tarde, Zobel e Öpik (2014) sugeriram a hipótese do habitat, onde as condições abióticas encontradas na área estruturam as assembleias de FMA e de planta; e da interdependência, a qual considera que a distribuição dos FMA e da comunidade vegetal ocorre de maneira independente. Sob outra perspectiva, Teste e Dickie (2017) ao revisarem os mecanismos de sucessão micorrízica propuseram a hipótese dos “*interacting drives*” que diferentemente do proposto por Zobel e Öpik (2014), o habitat, a vegetação e os FMA agem simultaneamente durante a sucessão. Entretanto, a relevância de cada um durante esse processo depende da escala espacial e temporal considerada.

O padrão de distribuição dos FMA pode ser relacionado às diferentes estratégias de sobrevivência desses fungos, que se adaptam as condições bióticas e abióticas específicas de um determinado ambiente. De acordo com Chagnon et al. (2013), os FMA podem apresentar três estratégias de vida, definidas de acordo com a teoria C-S-R (competidores, estresse tolerantes e ruderais (Figura 1).

Figura 1. Classificação dos FMA em competidoras (C), tolerante ao estresse (S) e ruderais (R).



Fonte: Chagnon et al. (2013).

As espécies competidoras (C) investem mais em crescimento do que em reprodução e requerem maior teor de carbono do hospedeiro, fornecendo maiores quantidades de P aos hospedeiros

Considerando que as hifas extrarradiculares são fundamentais no processo de disponibilização de nutrientes, representantes de Gigasporaceae por apresentam um maior investimento em micélio externo, seria o grupo de fungos com maior potencial competitivo por recursos entre os táxons de Glomeromycotina. Por outro lado, por não investirem em estrutura de resistência os representantes de Gigasporaceae são mais suscetíveis aos distúrbios no solo (OEHL et al., 2010; VAN DER HEYDEN et al., 2017).

As espécies tolerantes (S) têm baixa taxa de crescimento, entretanto possuem micélio de longa durabilidade e tolerância a estresses abióticos, como acidez e baixa temperatura (CHAGNON et al., 2013). Representantes de Acaulosporaceae, geralmente caracterizados por ocorrer em locais com condições limitantes, estariam classificados como tolerantes.

As espécies ruderais (R) apresentam alta taxa de crescimento investindo na produção de esporos e sistema eficiente de reparo das hifas; além disso, possuem alta capacidade de colonização. Os esporos das espécies ruderais apresentam tamanho

reduzido e encontram-se isolados ou arrançados em esporocarpos (VAN DER HEYDEN et al., 2017). Representantes de Glomeraceae seriam classificados como ruderais, pois apresentam alta taxa de crescimento e capacidade de restabelecimento rápido das hifas após a fragmentação, sendo de grande relevância em ambientes submetidos a distúrbios antropogênicos. Nesse contexto, é importante conhecer a diversidade de FMA em ambientes semiáridos, buscando compreender as estratégias de sobrevivência desses fungos em ambientes extremos e expostos a perturbações como a Caatinga.

2.5 FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES NA CAATINGA

Por muito tempo os FMA foram negligenciados na Caatinga, no entanto, os estudos que vem sendo realizados demonstram que esses fungos estão bem representados nas diferentes fisionomias vegetais da Caatinga e que as plantas nativas apresentam altos níveis de colonização micorrízica (SILVA et al., 2014; PEDONE-BOMFIM et al., 2018). Assim como em outros ambientes semiáridos, na Caatinga a associação MA favorece a retenção de umidade, a estabilização e a agregação das partículas do solo, reduzindo os riscos de erosão, além de proporcionar, ao hospedeiro, tolerância à seca (HU et al., 2017).

A partir do levantamento de 18 trabalhos publicados, foram registradas 113 espécies de FMA na Caatinga com 24 espécies de *Acaulospora*, 17 de *Glomus*, oito de *Racocetra* e *Rhizoglosum*, sete de *Gigaspora*, cinco de *Paraglosum* e *Scutellospora*, quatro de *Dentiscutata*, *Diversispora Funneliformis* e *Septoglosum*, três de *Ambispora* e *Claroideoglosum*, duas de *Cetranspora*, *Fuscutata*, *Kuklospora*, *Sclerocystis*, e uma de *Archaeospora*, *Bulbospora*, *Corymbiglosum*, *Entrophospora*, *Intraornatospora*, *Orbispora*, *Paradentiscutata*, *Quatunica* e *Simiglosum* (Tabela 2).

Acaulospora e *Glomus* destacam-se por apresentar maior representatividade nos solos da Caatinga (MAIA et al., 2010; MERGULHÃO et al., 2010; MELLO et al., 2012; PONTES et al., 2017a; SILVA et al., 2014; SOUSA et al., 2014, 2018; TEIXEIRA-RIOS et al., 2013). Esses gêneros possuem espécies que se adaptam a diferentes condições bióticas e abióticas, favorecendo a ampla distribuição em diferentes áreas da Caatinga, tais como, vegetação natural, antropizada e em regeneração natural. A alta taxa de esporulação e a presença de espécies tolerantes a impactos (OEHL et al., 2010) também são fatores que contribuem para o amplo registro desse gênero.

De modo geral, *Acaulospora scrobiculata* e *Glomus macrocarpum* foram as espécies mais registradas para a Caatinga, essas espécies apresentam alta adaptabilidade e tolerância às condições extremas como escassez hídrica (SOUZA et al., 2003), perturbações antrópicas como agricultura, pisoteio de animais (SOUSA et al., 2014) e mineração (MERGULHÃO et al., 2010). *Glomus macrocarpum* foi a espécie mais abundante apresentando alta frequência relativa nos diversos trabalhos revisados (SILVA et al., 2005, 2014; SOUSA et al., 2014, 2018).

Das oito espécies de *Rhizoglomus* registradas no semiárido brasileiro (Tabela 2), *Rhizoglomus intraradices* apresentou maior ocorrência (MERGULHÃO et al., 2010, 2014; PONTES et al., 2017a; SILVA et al., 2014; SOUSA et al., 2014, 2018). Essa espécie também foi registrada no Pantanal (GOMIDE et al., 2014). Entre as oito espécies de *Racocetra* encontradas na Caatinga, *Racocetra verrucosa* foi a mais frequentemente registrada.

Representantes de *Scutellospora* e *Gigaspora* também são comumente encontrados em solos ácidos de Caatinga (SOUSA et al., 2014; SOUZA et al., 2003). Todas as espécies de *Gigaspora* registradas para o Brasil já foram citadas, sendo *G. margarita* a espécie de maior ocorrência nos trabalhos revisados para a Caatinga (ANDRADE et al., 2017a; GOTO et al., 2010; MAIA et al., 2006, 2010; MERGULHÃO et al., 2010; PONTES et al., 2017a; SILVA et al., 2005, 2014; SOUSA et al., 2014, 2018; SOUZA et al., 2003).

Cinco espécies de *Paraglomus* foram registradas na Caatinga (Tabela 2). *P. occultum* foi identificada em solos degradados por mineração (TEIXEIRA-RIOS et al., 2013), indicando que essa espécie é tolerante as condições desfavoráveis. *P. bolivianum* foi descrita pela primeira vez em região semiárida do Grande Chaco, na Bolívia, sendo registrada por Mello et al. (2012) em área de Caatinga preservada em Pernambuco.

Das nove espécies de *Dentiscutata* atualmente descritas, quatro ocorrem na Caatinga (Tabela 2). *Dentiscutata colliculosa* e *D. scutata* foram registradas em área preservada (MERGULHÃO et al., 2010) e *D. cerradensis* em agrossistema (MAIA et al., 2010). *D. biornata* em áreas de *inselberg* (SOUSA et al., 2018). Das quatro espécies de *Ambispora* registradas na Caatinga, *A. appendicula* é amplamente distribuída em solos com baixos valores de pH (GOTO et al., 2010; MERGULHÃO, 2010; SILVA et al., 2005; SOUSA et al., 2014).

Das duas espécies de *Cetraspora* relatadas para a Caatinga, *C. pellucida* é a que apresenta maior ocorrência para esse bioma (GOTO et al., 2010; MAIA et al., 2006,

2010; Mergulhão et al., 2010; Pontes et al., 2017a; Silva et al., 2014; Souza et al., 2003; Sousa et al., 2018), porém *C. gilmorei* é mais amplamente distribuída nos ecossistemas brasileiros (Carvalho et al., 2012). Para o gênero *Fuscutata*, duas espécies foram registradas na Caatinga, *F. savannicola*, foi exclusiva de áreas de *inselberg* (Sousa et al., 2018). Já para *Kuklospora*, as duas espécies registradas *Kuklospora colombiana* (Goto et al., 2010; Maia et al., 2006, 2010; Mello et al., 2012; Pontes et al., 2017a; Silva et al., 2014), *K. kentinensis* (Goto et al., 2010; Maia et al., 2006, 2010; Souza et al., 2003) foram amplamente registradas em diversas condições ambientais na Caatinga.

Dentre as espécies de *Sclerocystis* (2), todas foram registradas na Caatinga: *S. coremioides* (Goto et al., 2010; Maia et al., 2010; Mello et al., 2012; Mergulhão et al., 2010; Pontes et al., 2017a; Silva et al., 2014) e *S. sinuosa* (Goto et al., 2010; Maia et al., 2010; Mello et al., 2012; Mergulhão et al., 2010; Silva et al., 2005, 2014; Souza et al., 2003; Pontes et al., 2017a).

Os gêneros *Funneliformis*, *Claroideoglomus*, *Entrophospora*, considerados tolerantes a condições ambientais desfavoráveis, prevaleceram em áreas degradadas em Campo Formoso-BA (Teixeira-Rios et al., 2013). *Funneliformis mosseae*, *C. claroideum*, *C. etunicatum* e *E. infrequens* foram registradas em áreas degradadas e contaminadas com mineração no semiárido (Teixeira-Rios et al., 2013); possivelmente essas espécies investem na produção de glomerosporos, estrutura de resistência que possibilita ao FMA sobreviver em condições adversas (Mergulhão et al., 2014).

Archaeospora, *Bulbospora*, *Corymbiglomus*, *Entrophospora*, *Intraornatospora*, *Orbispora*, *Paradentiscutata*, *Quatunica* e *Simiglomus* estão representados na Caatinga por apenas uma espécie (Tabela 2). *Simiglomus hoi* registrada por Mergulhão et al. (2014) em Caatinga impactada por mineração de gesso. *Orbispora pernambucana* descrita em solos de Floresta Atlântica, em Pernambuco (Silva et al., 2008) também teve registro na Caatinga (Goto et al., 2010; Maia et al., 2006), *Archaeospora trappei* foi registrada por Maia et al. (2010) em agrossistemas na Caatinga.

Intraornatospora intraornata e *Bulbospora minima* foram descritas em áreas de caatinga no PARNA do Catimbau, Pernambuco (Goto et al., 2009; Marinho et al., 2014) confirmando a importância de estudos de diversidade nessa Unidade de Conservação.

Tabela 2. Espécies de FMA registradas em áreas da Caatinga no semiárido.

Espécie de FMA	Referências
<i>Acaulospora bireticulata</i> F.M. Rothwell & Trappe	6,14
<i>A. delicata</i> C. Walker, C.M. Pfeiff. & Bloss	5,6,14
<i>A. denticulata</i> Sieverd. & S. Toro	1,3,5,6
<i>A. elegans</i> Trappe & Gerd.	3,6
<i>A. excavata</i> Ingleby & C. Walker	1,3,5,6,7,8,15,17,18
<i>A. herrera</i> Furrázola, B.T.Goto, G.A.Silva, Sieverd. & Oehl	10
<i>A. foveata</i> Trappe & Janos	3,5,6,7,17,18
<i>A. koskei</i> Blaszk.	5,6
<i>A. lacunosa</i> J.B. Morton	1,3,6,11
<i>A. laevis</i> Gerd. & Trappe	3,6,17,18
<i>A. longula</i> Spain & N.C. Schenck	1,3,5,6,7,11,14,15,17,18
<i>A. mellea</i> Spain & N.C. Schenck	3,5,6,7,8,11,14,15,17,18
<i>A. minuta</i> Oehl, Tchabi, Hount, Palenz, I.C. Sánchez & G.A. Silva	14,17
<i>A. morrowiae</i> Spain & N.C. Schenck	3,5,6,9,11, 14,18
<i>A. reducta</i> Oehl, B.T. Goto & C.M.R. Pereira	17
<i>A. rehmii</i> Sieverd. & S. Toro	1,3,5,6,7,18
<i>A. rugosa</i> J. B. Morton	
<i>A. scrobiculata</i> Trappe	1,2,3,5,6,7,9,11,14,15,17,18
<i>A. sieverdingii</i> Oehl, Sýkorová, Blask.	14,17,18
<i>A. spinosa</i> C. Walker & Trappe	3,5,6,14,17,18
<i>A. spinosissima</i> Oehl, Palenz., Sánchez-Castro, Tchabi, Hount. & G. A. Silva	18
<i>A. splendida</i> Sieverd., Chaverri & I. Rojas	14
<i>A. tuberculata</i> Janos & Trappe	3,5,6,7,18
<i>Ambispora appendicula</i> (Spain, Sieverd., N.C. Schenck) C. Walker	2,5,6,7,15,17
<i>A. fennica</i> C. Walker, Vestberg & A. Schüßler	16
<i>A. gerdemannii</i> (S.L. Rose, B.A. Daniels & Trappe) C. Walker, Vestberg & A. Schüßler	3,6,18
<i>A. leptoticha</i> (N.C. Schenck & T.H. Nicolson) Walker, Vestberg & A. Schüßler	1,3,5,6
<i>Archaeospora trappei</i> (R.N. Ames & Linderman) J.B. Morton & D. Redecker	6
<i>Bulbospora minima</i> Oehl, Marinho, B. T. Goto & G. A. Silva	12
<i>Cetraspora gilmorei</i> (Trappe & Gerd.) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	2,5,6,18

<i>C. pellucida</i> (T.H. Nicolson & N.C. Schenck) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	1,3,5,6,7,14,17,18
<i>Claroideoglossus claroideum</i> (N.C. Schenck & G.S. Sm.) C. Walker & A. Schüßler	6,13,15,17,18
<i>C. etunicatum</i> (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	1,2,5,6,7,11,13,14,17,15
<i>C. luteum</i> (L.J. Kenn., J.C. Stutz & J.B. Morton) C. Walker & A. Schüssler	17
<i>Corymbiglossus tortuosum</i> (N.C. Schenck et G.S. Sm.) Błaszczak & Chwat	2,5,6,17
<i>Dentiscutata biornata</i> (Spain, Sieverd. & S. Toro) Sieverd., F.A. de Souza & Oehl	5,6,18
<i>D. cerradensis</i> (Spain & J. Miranda) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	3,6,17,18
<i>D. colliculosa</i> B.T. Goto & Oehl	5
<i>D. scutata</i> (C. Walker & Dieder.) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	5,6,7
<i>Diversispora aurentia</i> (Błaszczak, Blanke, Renker & Buscot) C. Walker & Schüßler	16
<i>D. eburnean</i> (L.J. Kenn., J.C. Stutz & J.B. Morton) C. Walker & Schüssler	17,18
<i>D. spurca</i> (C.M. Pfeiff., C. Walker & Bloss) C. Walker & A. Schüßler	1,3,5,6
<i>D. versisformis</i> (P. Karst.) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	17
<i>Entrophospora infrequens</i> (I.R. Hall) R.N. Ames & R.W. Schneid.	2,3,5,6,7,9,11,14,15
<i>Funneliformis geosporum</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	1,5,6,16
<i>F. halonatum</i> (S.L. Rose & Trappe) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	5,6,7
<i>F. monosporus</i> (Gerd. & Trappe) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	6
<i>F. mosseae</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	1,2,5,6,7,11,13,14,17,18
<i>Fuscutata heterogama</i> Oehl, F.A. de Souza, L.C. Maia & Sieverd.	1,3,5,6,7,18
<i>F. savannicola</i> (R.A. Herrera & Ferrer) Oehl, F.A. Souza & Sieverding	18
<i>Gigaspora albida</i> N.C. Schenck & G.S. Sm.	1,3,5,6, 8, 17
<i>G. decipiens</i> I.R. Hall & L.K. Abbott	5,6,9,14,17,18
<i>G. diaphanum</i> J.B. Morton & C. Walker	2,5
<i>G. gigantea</i> (T.H. Nicholson & Gerd.) Gerd. & Trappe	3,5,6,7,14,17,18
<i>G. margarita</i> W.N. Becker & I.R. Hall	1,2,3,5,6,7,14,15,16,17,18
<i>G. ramisporophora</i> Spain, Sieverd. & N.C. Schenck	3,5,6

<i>G. rosea</i> T.H. Nicolson & N.C. Schenck	5,6
<i>Glomus aggregatum</i> N.C. Schenck & G.S. Sm. emend. Koske	6,14
<i>G. albidum</i> C. Walker & L.H. Rhodes	6
<i>G. ambisporum</i> G.S. Sm. & N.C. Schenck	5,6,7,15
<i>G. arborenses</i> McGee	6
<i>G. brohultii</i> Sieverd. & Herrera	11,17,18
<i>G. clavisporum</i> (Trappe) R.T. Almeida & N.C. Schenck	5,6,7,
<i>G. diaphanum</i> J.B. Morton & C. Walker	6
<i>G. glomerulatum</i> Sieverd.	5,6,7,14,17,18
<i>G. heterosporum</i> G.S. Sm. & N.C. Schenck	6
<i>G. intraradices</i> N.C. Schenck & G.S. Sm.	6,14
<i>G. invermaium</i> I.R. Hall	2,6
<i>G. macrocarpum</i> Tul. & C. Tul.	1,2,5,6,7,11,14,15,17,18
<i>G. microaggregatum</i> Koske, Gemma & P.D. Olexia	2,5,6
<i>G. microcarpum</i> Tul. & C. Tul.	2,5,6,11,14,17,18
<i>G. nanolumen</i> Koske & Gemma	
<i>G. pallidum</i> I.R. Hall	5,6,7
<i>G. trufemii</i> B.T. Goto, G. A. Silva & Oehl	17
<i>Intraornatospora intraornata</i> (B.T. Goto & Oehl) B.T. Goto, Oehl & G.A. Silva	4,5,9,14
<i>Kuklospora colombiana</i> (Spain & N.C. Schenck) Oehl & Sieverd.	3,5,6,9,14,17
<i>K. kentinensis</i> (Wu & Liu) Oehl & Sieverd.	1,3,5,6
<i>Orbispora pernambucana</i> (Oehl, D.K. Silva, N. Freitas, L.C. Maia) Oehl, G.A. Silva & D.K. Silva	3,5
<i>Paradentiscutata maritima</i> B.T. Goto, D.K. Silva, Oehl & G.A. Silva	18
<i>Paraglomus albidum</i> (C. Walker & L.H. Rhodes) Oehl	2,5
<i>P. bolivianum</i> (Sieverd. & Oehl) Oehl & G.A. Silva	9,11
<i>P. brasilianum</i> (Spain & J. Miranda) J.B. Morton & D. Redecker	5,6
<i>P. occultum</i> (C. Walker) J.B. Morton & D. Redecker	1,2,5,6,9,11,17
<i>P. pernambucanum</i> Oehl, C.M. Mello, Magna & G.A. Silva	17
<i>Quatunica erythropus</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	3,5,6
<i>Racocetra castanea</i> (C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	6,16

<i>R. coralloidea</i> (Trappe, Gerd. & I. Ho) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	3,6,14,17
<i>R. fulgida</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	6,11,15
<i>R. gregaria</i> (N.C. Schenck & T.H. Nicolson) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	6
<i>R. persica</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	6
<i>R. tropicana</i> Oehl, B.T. Goto & G.A. Silva	18
<i>R. verrucosa</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	3,5,6,11
<i>R. weresubiae</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. Souza & Sieverd.	1,5,6
<i>Rhizoglosum aggregatum</i> (N.C. Schenck & G.S. Sm.) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	17
<i>R. irregulare</i> (Blaszk., Wubet, Renker & Buscot) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	17, 18
<i>R. natalensis</i> (Blaszk. Chwat & B.T. Goto) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	18
<i>R. arabicum</i> (Blaszk., Symanczik & Al- Yahya'ei) Sieverd., G.A. Silva & Oehl	17
<i>R. clarum</i> (T.H. Nicolson & N.C. Schenck) C. Walker & A. Schüßler	5,6,17,18
<i>R. custos</i> (C. Cano & Dalpé) C. Walker & A. Schüßler	13
<i>R. fasciculatus</i> (Thaxt.) C. Walker & A. Schüßler	18
<i>R. intraradices</i> (N.C. Schenck & G.S.Sm) C. Walker & A. Schüßler	5,7,13,14,15,17,18
<i>Sclerocystis coremioides</i> Berk. & Broome	5,6,7,9,14,17
<i>S. sinuosa</i> Gerd. & B.K. Bakshi	1,2,5,6,7,8,9,14,17,
<i>Scutellospora alterata</i> Oehl, J.S. Pontes, Palenz., Sánchez - Castro & G.A. Silva	17, 18
<i>S. aurigloba</i> (I.R. Hall) C.Walker & F.E. Sanders	3,5,6,7,15
<i>S. calospora</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & F.E. Sanders	3,5,6,7,18
<i>S. dipurpurens</i> J.B. Morton & Koske	,5,6
<i>S. gregaria</i> (N.C. Schenck & T.H. Nicolson) C. Walker & F.E. Sanders	5,7,8
<i>Septoglosum constrictum</i> (Trappe) Sieverding, G.A. Silva & Oehl	6,14,17
<i>S. deserticola</i> (Trappe, Bloss & J.A. Menge) G.A. Silva, Oehl & Sieverd.	6
<i>S. furcatum</i> Blaszk., Chwat & Kovács, Ryszka	18

<i>S. titan</i> B.T. Goto & G.A. Silva	18
<i>Simiglomus hoi</i> (S.M. Berch & Trappe) G.A. Silva, Oehl & Sieverd.	13

1: Souza et al., 2003; 2: Silva et al., 2005; 3: Maia et al., 2006; 4: Goto et al., 2009; 5: Goto et al., 2010; 6: Maia et al., 2010; 7: Mergulhão et al., 2010; 8: Freitas et al., 2011; 9: Mello et al., 2012; 10: Furrázola et al., 2013; 11: Teixeira-Rios et al., 2013; 12: Marinho et al., 2014; 13: Mergulhão et al., 2014; 14: Silva et al., 2014; 15: Sousa et al., 2014; 16: Andrade et al., 2017a; 17: Pontes et al., 2017a; 18: Sousa et al., 2018.

2.6 FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES EM ÁREAS DE REGENERAÇÃO NATURAL

A compreensão dos processos e mecanismos que atuam na regeneração e sucessão espontânea tem sido objeto de diversos estudos, no entanto a maioria se concentra nos padrões espaciais e ambientais da comunidade vegetal, colocando os FMA como agentes secundários nesses processos. Para a assembleia de FMA pouquíssimos trabalhos foram realizados com abordagem sucessional (SOUSA et al., 2014; TESTE; DICKIE, 2017; LÓPEZ-GARCÍA et al., 2017) e compreender como esses fungos se organizam e respondem à regeneração espontânea permite uma avaliação mais ampla da sucessão.

Os FMA fornecem diversos serviços ecossistêmicos (GIANINAZZI et al., 2010). Esses fungos apresentam importância ecológica e funcional nos diferentes estágios de regeneração espontânea, pois além de proporcionarem melhoria das propriedades edáficas como deposição de matéria orgânica, estoque de C e P e de outros nutrientes minerais, podem aumentar a retenção de água do solo e a aquisição de nutrientes, pelo hospedeiro e, conseqüentemente, facilitar o desenvolvimento da vegetação (GIANINAZZI et al., 2010).

As variáveis ambientais podem influenciar a distribuição das espécies de plantas durante a regeneração, selecionando as menos tolerantes e com isso levando a homogeneização de algumas comunidades biológicas (LÔBO et al., 2011; RIBEIRO-NETO et al., 2016). Em relação aos FMA, interações entre as variáveis abióticas como o clima e o solo e bióticas como o hospedeiro, capacidade de dispersão dos fungos e as relações intra e interespecíficas dos FMA (LEKBERG; WALLER, 2016) podem atuar como facilitadores ou inibidores da assembleia de FMA durante a sucessão secundária.

Além dos impactos sobre os padrões de composição e diversidade dentro de uma perspectiva taxonômica, existem evidências de que o declínio e/ou aumento das assembleias de FMA pode resultar em um efeito positivo ou negativo no fornecimento de seus serviços ecossistêmicos (GIANINAZZI et al., 2010). Por participarem de

diferentes processos ecossistêmicos terrestres e serem sensíveis a mudanças, os FMA podem ser indicadores da funcionalidade e serem instrumentos para aviação de condição e evolução dos ecossistemas anteriormente degradados. Avaliações com base na taxa de colonização e na diversidade e distribuição das espécies de FMA em diferentes estágios de regeneração, assim como em ecossistemas naturais, podem ser ferramentas promissoras para compreender a dinâmica sucessional desses fungos e estabelecer estratégias conservacionistas a partir de espécies de FMA indicadoras em ambientes semiáridos.

Fatores como o ambiente e o hospedeiro são capazes de influenciar a ecologia micorrízica em diferentes estágios de regeneração. Avaliando a estrutura filogenética dos FMA associados com plantas das famílias Asteraceae e Fabaceae em ambientes semiáridos, López-García et al. (2017) observaram que o agrupamento entre os FMA e as plantas estava de acordo com as previsões feitas por Chagnon (2013), que propôs que as plantas com estratégia de vida ruderal se associam preferencialmente com Glomeraeaceae; os autores não observaram uma seleção filogenética dos FMA em Fabaceae.

Em estudo realizado em áreas de regeneração natural na Caatinga (áreas com idades de 17 a >50 anos), Sousa et al. (2014) observaram maior riqueza de espécies de FMA na área em estágio tardio de sucessão, indicando que o reestabelecimento da vegetação também exerce efeito significativo sobre a comunidade de fungos. Os gêneros *Glomus* e *Acaulospora* foram predominantes, confirmando que representantes desses gêneros são bem adaptados às condições do semiárido. Em relação à taxa de colonização micorrízica, esta foi maior no estágio de regeneração inicial (17 anos) (SOUSA et al., 2014).

Avaliando os efeitos da sucessão secundária na Floresta Atlântica, Zangaro et al. (2012) observaram que as plantas pioneiras (sementes com pouca reserva, rápido crescimento e raízes finas) mantiveram alta taxa de colonização, uma vez que necessitam de maior aquisição de nutrientes do solo, diferentemente das espécies tardias (crescimento lento e raízes mais grossas) que apresentam menor dependência dos FMA.

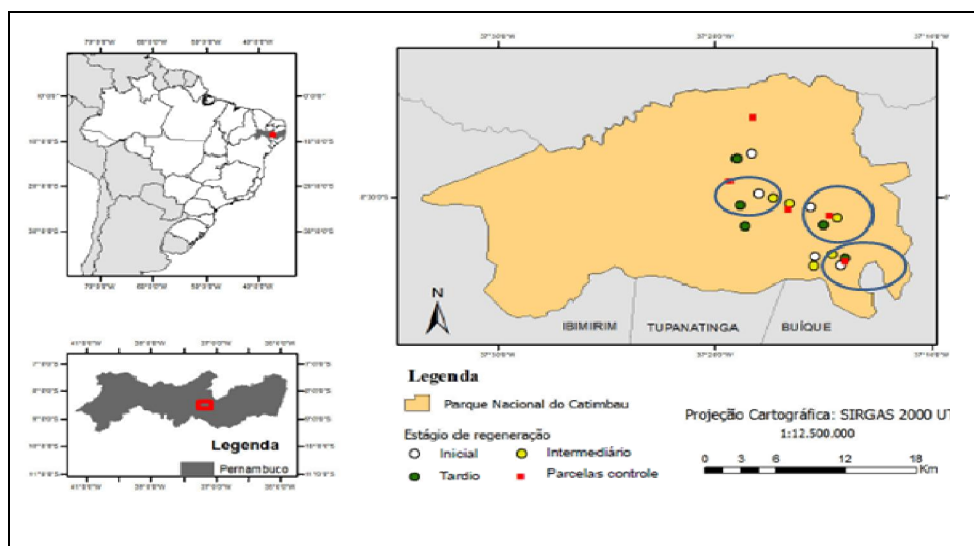
Embora os FMA auxiliem no estabelecimento da vegetação, pouco se conhece sobre a dinâmica e a distribuição desses fungos durante os processos de regeneração espontânea e sucessão na Caatinga. No entanto, é preciso entender como as limitações ecológicas intrínsecas ao bioma podem interferir no potencial regenerativo desse grupo de fungos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 ÁREA DE ESTUDO

O estudo foi realizado no Parque Nacional (PARNA) do Catimbau que compreende uma área de 62.294,14 ha e se estende pelos municípios pernambucanos de Tupanatinga, Ibimirim e Buíque (Figura 2). O PARNA do Catimbau é ocupado por populações predominantemente rurais que utilizam a vegetação natural para fins alimentícios, medicinais e também para uso como lenha (FREIRE, 2015). Outro impacto sobre a vegetação local é o pastoreio que, juntamente com as demais atividades, promovem a fragmentação das áreas em remanescentes sob processo de sucessão secundária (RIBEIRO-NETO et al., 2016).

Figura 2. Mapa do PARNA do Catimbau demarcado com as áreas de coleta.



Os círculos no mapa representam os locais de coleta; cada local contém três estágios de regeneração e uma área de vegetação natural. Fonte: Projeto de Longa Duração (PELD-www.peldcatimbau.org), Laboratório de Ecologia Vegetal e Aplicada/UFPE.

Segundo a classificação de Köppen, o clima na região do PARNA do Catimbau é semiárido do tipo BShs' com transição para o tropical chuvoso As'. A temperatura é pouco variável, com média anual de 25 °C e a precipitação média anual varia de 650 a 1.100 mm, concentrada nos meses de abril a junho, podendo se estender até julho (FREIRE, 2015).

O PARNA do Catimbau encontra-se inserido na bacia sedimentar Tucano-Jatobá, onde predominam Neossolos, Latossolos, Argissolos, Planossolos e Luvisolos (FREIRE, 2015). A maior parte dos solos do PARNA do Catimbau pertencem à classe

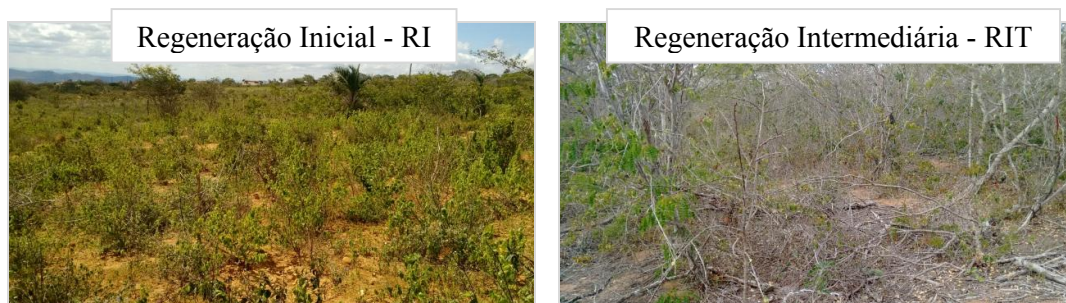
dos Neossolos Quartzarênicos, caracterizados por serem essencialmente areno-quartzosos, profundos a muito profundos, com drenagem acentuada, baixa capacidade de armazenamento de água e de troca de cátions (EMBRAPA, 2018; FREIRE, 2015).

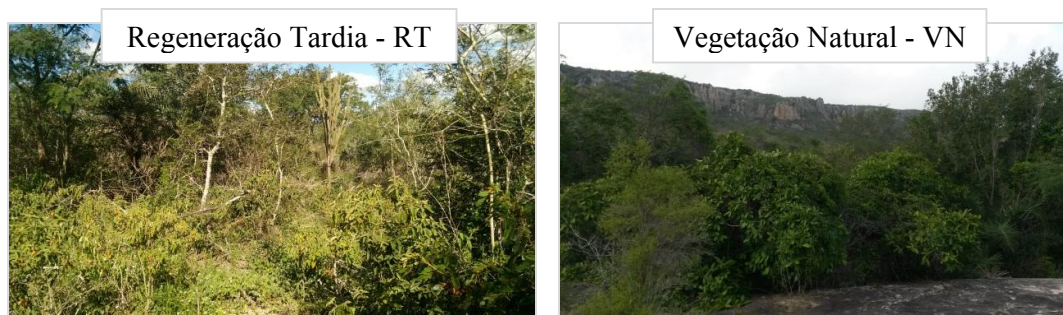
Várias fitofisionomias que vão desde formações arbóreo-arbustivas a herbáceas são encontradas no PARNA do Catimbau. A vegetação predominante é do tipo caatinga *stricto sensu*, adaptada à escassez hídrica, e apresentando folhas reduzidas ou modificadas em espinhos. As famílias de plantas predominantes no PARNA do Catimbau são Asteraceae, Bignoniaceae, Cactaceae, Convolvulaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Malvaceae, Malpighiaceae, Myrtaceae e Sapindaceae (ANDRADE et al., 2004; FIGUEIRÊDO et al., 2000; GOMES et al., 2006, RITO et al., 2017). O levantamento florístico dos locais de coleta foi realizado por pesquisadores do Laboratório de Ecologia Vegetal e Aplicada/UFPE (APÊNDICE A).

3.2 COLETA

Amostras de solo foram coletadas em julho/2016, em três locais (Tabela 3). Em cada um desses locais foram selecionadas áreas com três estágios de regeneração baseado no histórico do uso (tempo de uso): Inicial (RI) = áreas em regeneração natural com idades de 4, 6 e 10 anos; Intermediária (RIT) = áreas em regeneração natural com 17, 23 e 30 anos; Tardia (RT) = áreas em regeneração natural com 37, 40 e 45 anos, além de uma área com vegetação natural (VN). As três áreas de vegetação natural têm idades estimadas acima dos 100 anos (Figura 3).

Figura 3. Áreas de coleta no PARNA do Catimbau (PE).

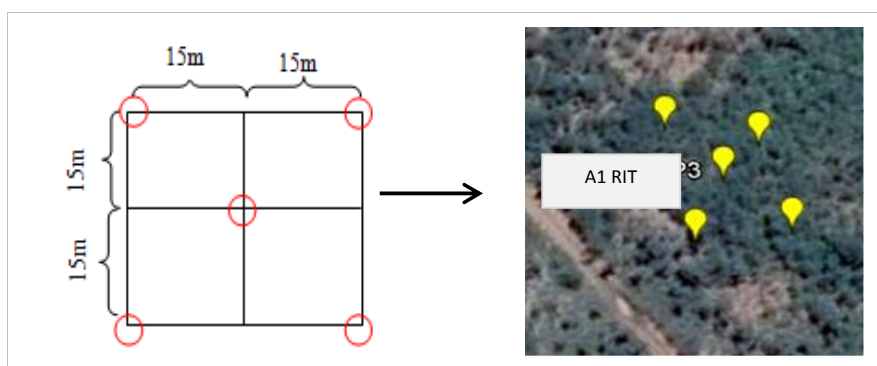




Fonte: A autora, 2018.

Em cada área foi estabelecido um *grid* de 30x30 m (Figura 4), demarcado geograficamente (Tabela 3), onde se coletou cinco amostras simples de solo rizosférico (0-20 cm profundidade), totalizando 60 amostras que, acondicionadas em sacos plásticos, foram levadas ao Laboratório de Micorrizas da UFPE; uma parte foi utilizada para as análises químicas e físicas do solo, a outra para a avaliação micorrízica.

Figura 4. *Grid* de 30x30 m estabelecido nos estágios de regeneração e na vegetação natural.



Fonte: A autora, 2018.

Tabela 3. Localização geográfica e altitude das áreas de coleta no PARNA do Catimbau – PE.

Áreas	Latitude	Longitude	Altitude (m)
Local 1			
RI	8°34'96,9"	37°30'04,3"	874
RIT	8°50'15,4"	37°28'89,9"	941
RT	8°50'72,0"	37°31'35,1"	835
VN	8°42'77,2"	37°30'45,8"	623
Local 2			
RI	8°50'89,7"	37°25'94,6"	979
RIT	8°50'57,2"	37°27'61,5"	990
RT	8°52'52,6"	37°24'96,1"	902

VN	8°51'10,5"	37°27'70,2"	966
Local 3			
RI	8°55'44,9"	37°25'69,4"	839
RIT	8°56'21,9"	37°25'76,7"	863
RT	8°55'59,6"	37°23'28,4"	856
VN	8°55'79,9"	37°23'29,3"	830

RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia; VN – Vegetação natural. Fonte: A autora, 2018.

3.3. AVALIAÇÕES

3.3.1 Propriedades químicas e físicas do solo

As análises das propriedades químicas e físicas das amostras de solo foram realizadas na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina, da Universidade Federal Rural de Pernambuco. Antes das análises, as amostras foram secas ao ar, destorroadas e passadas em peneiras com abertura de malha de 2 mm. Foram determinados o pH do solo, medido em solução de solo/água destilada (1:2,5 v/v) e os teores de macronutrientes (P, K, Ca, Mg e Na), micronutrientes (Zn, Fe, Cu, Mn) e matéria orgânica do solo (MO). Também se determinou: acidez potencial (H), soma de bases (SB), saturação por bases (V), saturação por alumínio (m) e capacidade de troca catiônica (CTC), segundo Silva et al. (1998). Os teores de areia total, areia grossa, areia fina, silte e argila foram mensurados de acordo com EMBRAPA (1999) e a umidade do solo segundo Debosz et al. (1999).

3.3.2 Colonização radicular

As raízes foram separadas do solo, lavadas, diafanizadas com KOH (10%), e coradas com azul de Trypan (0,05%) (PHILLIPS; HAYMAN, 1970). O percentual de colonização, para cada amostra, foi estimado a partir da análise de 100 fragmentos de 1 cm de raiz montados em lâminas e observados ao microscópio, conforme descrito em GIOVANETTI; MOSSE (1980). Os fragmentos que apresentaram uma ou mais estruturas características dos FMA (arbúsculos, vesículas e glomerosporos) foram considerados colonizados.

3.3.2 Cultura armadilha

Culturas armadilha foram montadas em casa de vegetação, utilizando-se 1 kg de solo de cada ponto, que foi colocado em um vaso de cultivo, perfazendo 60 vasos ao

total. Como plantas hospedeiras, foram utilizadas em cada vaso milho (*Zea mays* L.) e sorgo (*Sorghum bicolor* L.). As culturas foram mantidas em casa de vegetação no Departamento de Micologia da UFPE por um período de seis meses, efetuando-se regas periódicas. Ao final do ciclo, as plantas foram submetidas a estresse hídrico para favorecer a esporulação e amostras de solo foram coletadas para extração e identificação das espécies de FMA.

3.3.4 Número de glomerosporos e identificação morfológica dos FMA

A extração dos esporos foi realizada a partir de alíquotas de 50 g de solo, segundo as técnicas de peneiramento úmido (GERDEMANN; NICOLSON, 1963) e centrifugação em água e sacarose (JENKINS, 1964). Os glomerosporos foram quantificados, separados por morfotipos com auxílio de estereomicroscópio (40x) e montados em lâminas com PVLG (álcool-polivinílico em lactoglicerol) e PVLG + reagente de Melzer (1:1 v/v). Para identificação dos táxons utilizou-se manuais de identificação (BŁASZKOWSKI, 2012; SCHENCK; PÉREZ, 1990) e descrições de novas espécies, seguindo a classificação proposta por Oehl et al. (2011).

3.4 ANÁLISES ECOLÓGICAS

3.4.1 Índices ecológicos

Para análise da assembleia de FMA foram calculados os índices de diversidade de Shannon-Wiener (H'), o de Margalef (d), o de equitabilidade de Pielou (J') e o de dominância de Simpson (D). O índice de Shannon (H') foi calculado pela equação: $H' = - \sum (X_i/X_o) \times \log (X_i/X_o)$, onde X_i representa o número de esporos de cada espécie e X_o o número total de esporos de todas as espécies. O índice de Margalef (d) foi calculado pela equação $d = S-1/\log N$; onde S é o número de espécies e N é o número total de esporos na amostra. O índice de dominância de Simpson (D) foi calculado pela equação: $D = \sum (X_i/X_o)^2$, onde X_i é o número de esporos de cada espécie e X_o o número de total de esporos de todas as espécies. O índice de equitabilidade de Pielou (J') foi determinado pela equação: $J' = H'/\log(S)$ (PIELOU, 1975).

3.4.2 Frequência e abundância relativa

A frequência de cada espécie (F_i) foi calculada de acordo com a equação $F_i = J_i/K$, em que F_i é a frequência da espécie i ; J_i é o número de amostras nas quais a espécie i ocorreu e K é o número total de amostras de solo. A frequência relativa de cada espécie

de FMA (FR_i) foi estimada como a proporção da soma de todas as espécies (BROWER; ZAR, 1984), representada pela equação $FR_i = f_i / \sum f$, em que FR_i é a frequência relativa de uma dada espécie *i*; *f_i* é a frequência de uma dada espécie *i* e; $\sum f$ é a soma das frequências de todas as espécies. As espécies foram classificadas segundo a frequência como: dominantes (>50%), muito comuns (31-50%), comuns (10-30%) e raras (<10%) (ZHANG; GUO; LIU, 2004).

A abundância relativa de cada espécie (P_i) foi calculada de acordo com a equação $P_i (\%) = n_i (100/N)$, onde *n* é o número de organismos da espécie e *N* é o número total de organismos na amostra.

3.5 ANÁLISE DOS DADOS

Utilizou-se análise univariada para avaliar as diferenças nas propriedades físicas, químicas e biológicas do solo; para os fungos considerou-se: dados de colonização radicular, número de glomerosporos, riqueza, índices de diversidade (Shannon-Wiener e Margalef), dominância de Simpson e a equitabilidade de Pielou, comparando os diferentes estágios de regeneração e a área de vegetação natural. A normalidade dos dados foi verificada pelo teste de Shapiro-Wilk e os dados que apresentaram distribuição normal foram comparados pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). Os dados que não apresentaram distribuição normal foram comparados pelo teste não paramétrico de Kuskal-Wallis ($p < 0,05$). As análises univariadas foram realizadas com auxílio do programa Assistat 7.7 beta (SILVA; AZEVEDO, 2016).

A análise de variância multivariada por permutação (PERMANOVA) foi aplicada para avaliar os efeitos dos estágios de regeneração sobre as propriedades químicas, físicas e biológicas do solo. Além disso, foi investigada a relação dos diferentes estágios de regeneração e da vegetação natural com a riqueza e a abundância de plantas usando a distância de Bray-Curtis. Os valores de *p* foram ajustados (correção de Bonferroni) dependendo do número de combinações pareadas.

PERMANOVA também foi aplicada para testar se havia diferença na composição das assembleias de FMA entre as áreas. Nesse caso, foram utilizados dados de riqueza e abundância relativa. Antes da PERMANOVA, a homogeneidade de dispersão de grupos (áreas) foi testada utilizando *Betadisper*, análise que permite detectar se as diferenças observadas com base na PERMANOVA foram influenciadas pela diferença na composição entre ou dentro dos grupos. Nessas análises utilizou-se a distância de Bray-Curtis (OKASEN et al., 2010).

Para visualizar as dissimilaridades na composição das assembleias de FMA entre os estágios de regeneração e vegetação natural foi utilizado o escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) com a distância de Bray-Curtis (9999 permutações). A análise de partição de variância (*Varpart*) (LEGENDRE, 2008) foi utilizada para identificar as propriedades do solo que melhor explicam a variação na composição da assembleia de FMA. O *Varpart* foi executado testando o efeito da regeneração *versus* propriedades físicas e químicas do solo e dados espaciais das áreas; as variáveis utilizadas no *Varpart* foram previamente selecionadas pela análise *envfit*. As variáveis indicadas pelo NMDS e pelo *Varpart* como explicativas da distribuição das espécies de FMA foram correlacionadas com os dados ecológicos (riqueza, diversidade de Margalef e de Shannon; equitabilidade de Pielou e dominância de Simpson) empregando-se a correlação de Pearson. As significâncias das correlações foram calculadas segundo o número de amostras (N=60).

O número estimado de espécies de FMA e a suficiência amostral foram calculados e representados pela curva de acumulação de espécies, com auxílio do Primer 6.0 (CLARKE; GORLEY, 2006). O método estimativo baseado na extrapolação da curva foi utilizado para identificar o número ótimo de amostras para representar adequadamente a riqueza de FMA. Os valores do índice de diversidade de Shannon utilizados nessa análise foram convertidos em $\text{Exp}(H')$ (CHAO et al., 2014).

Para análise de espécie indicadora, utilizou-se o teste de Monte Carlo utilizando 1000 permutações (DUFRENE; LEGENDRE, 1997), considerando como valor de indicação (IndVal) $\geq 25\%$ (ASSIS et al., 2016) e nível de significância $< 5\%$. Essa análise foi realizada para detectar possíveis relações entre as espécies de FMA e os estágios de regeneração e a vegetação natural.

O diagrama de Venn foi utilizado para demonstrar o número de espécies exclusivas e compartilhadas entre as áreas utilizando-se a ferramenta “*Calculate and draw custom Venn diagrams*” disponível no endereço <http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/Venn/>.

O NMDS, o *envfit*, o *Betadisper* e a PERMANOVA usando a função *adonis*, foram conduzidos com auxílio do R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2017) usando o pacote *vegan* (OKSANEN et al., 2010). A análise de espécie indicadora foi realizada com o auxílio do programa estatístico PC-ORD versão 6.0 (MCCUNE; MEFFORD, 2011).

4 RESULTADOS

4.1 PROPRIEDADES DO SOLO

Os solos das áreas estudadas foram classificados como arenosos (areia>80%), e os maiores teores de areia total ocorreram nas áreas de regeneração intermediária e tardia (Kuskal-Wallis, $p<0,05$). As áreas de vegetação natural apresentaram os maiores teores de silte, diferindo das áreas em regeneração intermediária e tardia, enquanto os maiores teores de argila foram observados na área em regeneração inicial, diferindo apenas da área em regeneração tardia (Tabela 4). A partir da análise de PERMANOVA ($F_{3,12}= 7,96$; $p<0,008$) observou-se que a composição física do solo das áreas de vegetação natural e em regeneração inicial diferiu das demais (Tabela 6).

Diferenças significativas entre os solos das áreas em regeneração foram observadas apenas para os teores de Fe e Na. No caso do Fe, os valores diferiram apenas entre as áreas de VN e RI; ao contrário, para o Na, os teores nos solos das áreas de VN e RI foram similares. As demais variáveis (Cu, Zn, P, pH, Al, Ca, Mg, C, SB, CTC, V, m e MO) não diferiram entre as áreas (Tabela 5). Com base na análise de PERMANOVA ($F_{3,12}= 4,40$; $p<0,008$) as propriedades químicas do solo da área em regeneração inicial diferiram dos demais estágios e da área de vegetação natural. Diferenças significativas também foram observadas entre as áreas de regeneração tardia e vegetação natural (Tabela 6).

Tabela 4. Propriedades físicas dos solos das áreas em diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Áreas	Areia total	Areia grossa	Areia fina %	Silte	Argila
RI	85,8 b	61,6 a	24,1 a	6,0 ab	8,1 a
RIT	90,4 a	65,3 a	25,0 a	3,0 b	6,5 ab
RT	91,1 a	68,5 a	22,5 a	3,5 b	5,4 b
VN	84,5 b	58,0 a	26,6 a	7,6 a	7,8 ab

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem pelo Teste Kuskal-Wallis a 5% de probabilidade. RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN – Vegetação natural. Fonte: A autora, 2018.

Tabela 5. Propriedades químicas dos solos das áreas em diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Áreas	pH	Fe	Cu	Zn	Mn	P	K	Al	Na	Mg	Ca	H	SB	CTC	V	C	m	MO
						mg/dm ³						cmolc/dm ³				%		
RI	4,9 a	50,0 b	0,06 a	0,5 a	8,1 a	5,8 a	0,12 a	0,01 a	0,5 ab	2,0 a	0,4 a	3,9 a	2,5 a	7,0 a	43,7 a	1,2 a	16,8 a	2,0 a
RIT	4,6 a	56,7 ab	0,01 a	0,6 a	6,4 a	6,1 a	0,06 a	0,01 a	0,5 b	1,9 a	0,5 a	3,7 a	2,6 a	6,8 a	39,4 a	1,0 a	18,2 a	1,8 a
RT	4,7 a	52,8 ab	0,00 a	0,7 a	9,0 a	6,2 a	0,05 a	0,01 a	0,4 b	2,2 a	0,4 a	3,7 a	2,7 a	6,9 a	41,0 a	1,1 a	14,6 a	1,9 a
VN	4,6 a	79,5 a	0,01 a	0,7 a	8,9 a	5,4 a	0,09 a	0,03 a	0,6 a	1,9 a	0,4 a	3,6 a	2,4 a	6,7 a	36,6 a	1,3 a	23,6 a	2,3 a

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem pelo Teste Kuskal-Wallis a 5% de probabilidade. RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN – Vegetação natural. Fe: Ferro; Cu: Cobre; Zn: Zinco; Mn: Manganês; P: Fósforo; pH: Acidez do solo; Al: Alumínio; Na: Sódio; Mg: Magnésio; Ca: Cálcio; H: Alumínio trocável; SB: Soma de bases; CTC: Capacidade de troca de cátions; V: Saturação por bases; m: Saturação por alumínio; MO: Matéria orgânica. Fonte: A autora, 2018.

Tabela 6. Análise da PERMANOVA das propriedades físicas e químicas em solos das áreas em regeneração e com vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Áreas	Física	Química
	<i>P</i>	
RI vs. RIT	0,0001	0,0016
RI vs. RT	0,0001	0,0003
RI vs. VN	0,9984	0,0065
RIT vs. RT	0,0390	0,3117
RIT vs. VN	0,0005	0,0523
RT vs. VN	0,0003	0,0016

RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN – Vegetação natural. Correção de Bonferroni ($p < 0,008$). Fonte: A autora, 2018.

4.2 NÚMERO DE GLOMEROSPOROS E COLONIZAÇÃO MICORRÍZICA

Os estágios de regeneração não influenciaram a taxa de colonização micorrízica, estimada entre 22 e 37%; no entanto o número de glomerosporos diferiu entre a área em regeneração inicial e a de vegetação natural, a qual apresentou menor esporulação (Tabela 7).

Tabela 7. Número de glomerosporos e colonização micorrízica em áreas de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Áreas	Nº de glomerosporos	Colonização (%)
RI	3,9 a	37,2 a
RIT	2,0 ab	26,4 a
RT	2,0 ab	22,6 a
VN	1,4 b	24,3 a

Médias seguidas pela mesma letra, na coluna, não diferem pelo Teste de Tukey a 5% de probabilidade. RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN – Vegetação natural. Fonte: A autora, 2018.

4.3 ECOLOGIA E DIVERSIDADE DE FMA

A partir das amostras de culturas armadilhas e de campo foram identificados 52 táxons nas áreas estudadas, distribuídos em 18 gêneros e 11 famílias: *Acaulospora* (13), *Glomus* (9), *Dentiscutata* (3), *Gigaspora* (3), *Paraglomus* (3), *Ambispora* (2), *Diversispora* (2), *Fuscutata* (2), *Cetraspora* (2), *Racocetra* (2), *Claroideoglomus* (2), *Paradentiscutata* (2), *Scutellospora* (2), *Entrophospora* (1), *Funneliformis* (1), *Intraornatospora* (1), *Septoglomus* (1) e *Bulbospora* (1) (Tabela 8).

Tabela 8. Espécies de FMA identificadas nas amostras de culturas armadilhas e do campo; abundância e frequência relativa em áreas de regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Espécies de FMA	Abundância Relativa				Frequência Relativa
	RI	RIT	RT	VN	
Archaeosporomycetes					
Archaesporales					
Ambisporaceae					
<i>Ambispora appendicula</i> (Spain, Sieverd., N.C. Schenck) C.Walker	4,56	1,22	0,90	5,7	D
<i>A. gerdemannii</i> (S.L. Rose, B.A. Daniels & Trappe) C. Walker, Vestberg & A. Schüßler	0,03	-	-	-	R
Glomeromycetes					
Diversisorales					
Acaulosporaceae					
<i>Acaulospora cavernata</i> Blask.	-	0,11	-	-	R
<i>A. dilatata</i> J.B. Morton	-	*	-	-	-
<i>A. laevis</i> Gerd. & Trappe	0,03	0,03	-	-	R
<i>A. lacunosa</i> J.B. Morton	-	-	-	0,14	R
<i>A. longula</i> Spain & N.C. Schenck	0,03	*	-	0,03	R
<i>A. mellea</i> Spain & N.C. Schenck	5,53	2,69	1,55	1,22	D
<i>A. morrowiae</i> Spain & N.C. Schenck	3,25	0,44	1,40	0,26	MC
<i>A. rehmii</i> Sieverd. & S. Toro	-	*	*	0,06	R
<i>A. scrobiculata</i> Trappe	2,43	1,46	1,26	0,76	D
<i>A. spinosa</i> C. Walker & Trappe	-	-	-	0,35	R
<i>A. tuberculata</i> Janos & Trappe	*	0,06	-	0,03	R
<i>Acaulospora</i> sp.1	0,61	0,23	0,23	0,29	MC
<i>Acaulospora</i> sp.2	0,23	0,26	0,58	0,44	C
Diversisporaceae					
<i>Diversispora inculpta</i> (Blaszk.) Oehl, G. A. Silva & Sieverd.	0,20	-	-	-	R

<i>D. pustulata</i> (Koske, Friese, C. Walker & Dalpé) Oehl, G.A. Silva & Sieverd	-	0,32	-	-	R
Glomerales					
Entrophosporaceae					
<i>Claroideoglosum etunicatum</i> (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	0,15	*	*	*	R
<i>Claroideoglosum</i> sp.1	*	-	-	-	-
<i>Entrophospora infrequens</i> (I.R. Hall) R.N. Ames & R.W. Schneid.	0,09	-	-	-	R
Glomeraceae					
<i>Funneliformis mosseae</i> (T.H. Nicolson & Gerd.) C. Walker & A. Schüßler	0,03	-	-	-	R
<i>Glomus aggregatum</i> N.C. Schenck & G.S. Sm.	0,03	1,61	2,10	0,26	C
<i>G. australe</i> (Berck.) S.M. Berck	0,03	0,09	0,03	0,32	C
<i>G. brohultii</i> Sieverd. & Herrera	1,61	1,02	0,96	0,32	MC
<i>G. halonatum</i> (S.L. Rose & Trappe) Oehl, G.A. Silva & Sieverd.	-	-	*	-	
<i>G. macrocarpum</i> Tul. & C. Tul.	11,12	10,44	5,03	1,75	D
<i>G. microcarpum</i> Tul. & C. Tul.	1,20	1,81	2,69	0,70	MC
<i>Glomus</i> sp.1	0,06	0,58	0,58	4,71	C
<i>Glomus</i> sp.2	1,90	3,25	0,76	0,64	MC
<i>Glomus trufemii</i> B.T. Goto, G.A. Silva & Oehl	0,03	-	-	-	R
<i>Septoglosum</i> sp.1	0,03	*	-	-	R
Gigasporales					
Dentiscutataceae					
<i>Dentiscutata cerradensis</i> (Spain & J. Miranda) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	0,03	*	-	-	R
<i>D. colliculosa</i> B.T. Goto & Oehl	-	-	-	0,03	R
<i>Dentiscutata</i> sp.1	0,03	-	-	-	R
<i>Fuscutata aurea</i> Oehl, C.M. Mello & G.A. Silva	0,03	-	-	-	R
<i>F. rubra</i> (Stürmer & J.B. Morton) Oehl, F.A. Souza & Sieverd.	0,03	-	-	-	R
Gigasporaceae					
<i>Gigaspora albida</i> N.C. Schenck & G.S. Sm.	-	-	*	-	-
<i>G. gigantea</i> (T.H. Nicholson & Gerd.) Gerd. & Trappe	0,09	0,09	0,17	0,35	C
<i>G. margarita</i> W.N. Becker & I.R. Hall	0,06	0,06	0,12	0,03	C

Intraornatosporaceae					
<i>Intraornatospora intraornata</i> (B.T. Goto & Oehl) B.T. Goto, Oehl & G.A. Silva	0,06	*	0,23	0,09	C
<i>Paradentiscutata bahiana</i> Oehl, Magna, B.T. Goto & G.A. Silva	0,12	*	0,44	0,20	C
<i>P. maritima</i> B.T. Goto, D.K. Silva, Oehl & G.A. Silva	0,03	-	-	0,38	R
Racocetraceae					
<i>Cetraspora gilmorei</i> (Trappe & Gerd.) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	0,32	0,15	0,35	0,88	R
<i>C. pelucida</i> (T.H. Nicolson & N.C. Schenck) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	0,03	-	-	-	R
<i>Racocetra fulgida</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	0,03	0,03	-	*	R
<i>R. tropicana</i> Oehl, B.T. Goto & G. A. Silva	0,17	-	-	-	R
Scutellosporaceae					
<i>Scutellospora aurigloba</i> (IR Hall) C. Walker & FE	*	-	-	-	-
<i>Scutellospora calospora</i> (Koske & C. Walker) Oehl, F.A. de Souza & Sieverd.	*	0,03	0,12	0,03	R
<i>Bulbospora minima</i> Oehl, Marinho, B.T. Goto & G. A. Silva	*	-	*	-	-
Paraglomeromycetes					
Paraglomerales					
Paraglomeraceae					
<i>Paraglomus occultum</i> (C. Walker) J.B. Morton & D. Redecker	0,09	0,06	-	-	R
<i>P. laccatum</i> (Blaszk.) Renker, Blaszk. & Buscot	-	0,03	-	-	R
<i>P. pernambucanum</i> Oehl, CM Mello, Magna & G. A. Silva	0,05	-	-	-	R
Total	42	32	24	28	

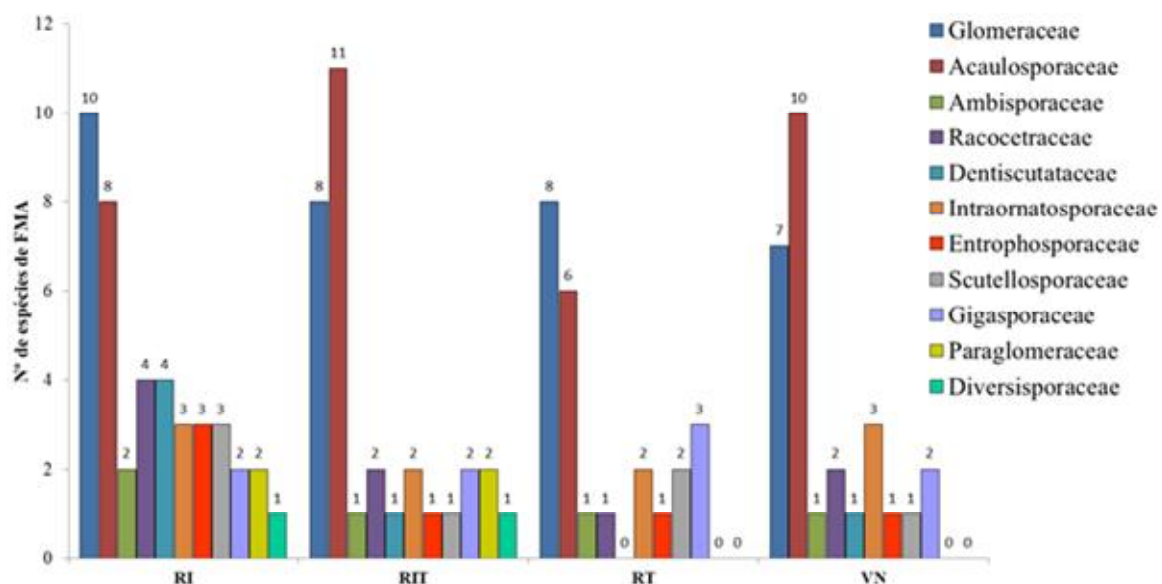
D - dominantes; MC - muito comum; C – comum; R – rara. RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN – Vegetação natural. * = espécies de FMA detectadas nas culturas armadilhas. Fonte: A autora, 2018.

A montagem de culturas armadilhas possibilitou a recuperação e a identificação de seis táxons de FMA que não foram observados diretamente nas amostras de campo: *Acaulospora dilatata*, *Claroideoglomerus* sp.1, *Glomerus halonatum*, *Gigaspora albida*, *Scutellospora aurigloba* e *Bulbospora minima* (Tabela 8). Além desses, sete táxons não puderam ser identificados até o nível de espécie e possivelmente constituem novas espécies.

Considerando a abundância das espécies de FMA identificadas nas amostras de campo, *Glomerus macrocarpum* foi mais abundante nas áreas em regeneração e *Ambispora appendicula* nas áreas de vegetação natural. Em relação à frequência relativa (FR), a área em regeneração inicial apresentou maior número de espécies raras (19 espécies), seguida das áreas de vegetação natural (oito) e de regeneração intermediária (sete). Nas áreas de regeneração tardia apenas *Scutellospora calospora* e *Cetranspora gilmorei* foram classificadas como raras (Tabela 8). Nove espécies foram classificadas como comuns nas áreas em regeneração inicial e tardia e nas áreas de vegetação natural, e sete nas de regeneração intermediária. As diversas áreas em regeneração e as de vegetação natural apresentaram o mesmo número de espécies muito comuns (cinco) e dominantes (quatro) (Tabela 8).

Maior número de espécies de FMA foi registrado nas áreas em estágio de regeneração inicial, com 42 espécies e maior representatividade de Glomeraceae, seguida pelas áreas em regeneração intermediária (32 espécies) e de vegetação natural (28 espécies), com predomínio de Acaulosporaceae, e de regeneração tardia (24 espécies), com predomínio de Glomeraceae (Tabela 8 e Figura 5).

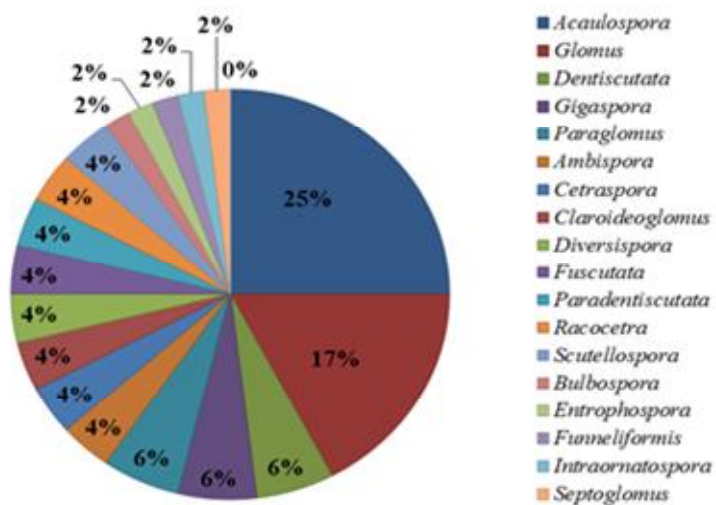
Figura 5. Número de espécies em cada família de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau.



RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia; VN – Vegetação natural.

Acaulospora foi o gênero mais representativo com 25% do total de táxons registrados, seguido de *Glomus* (17%); os demais gêneros tiveram menos de 7% de representatividade (Figura 6).

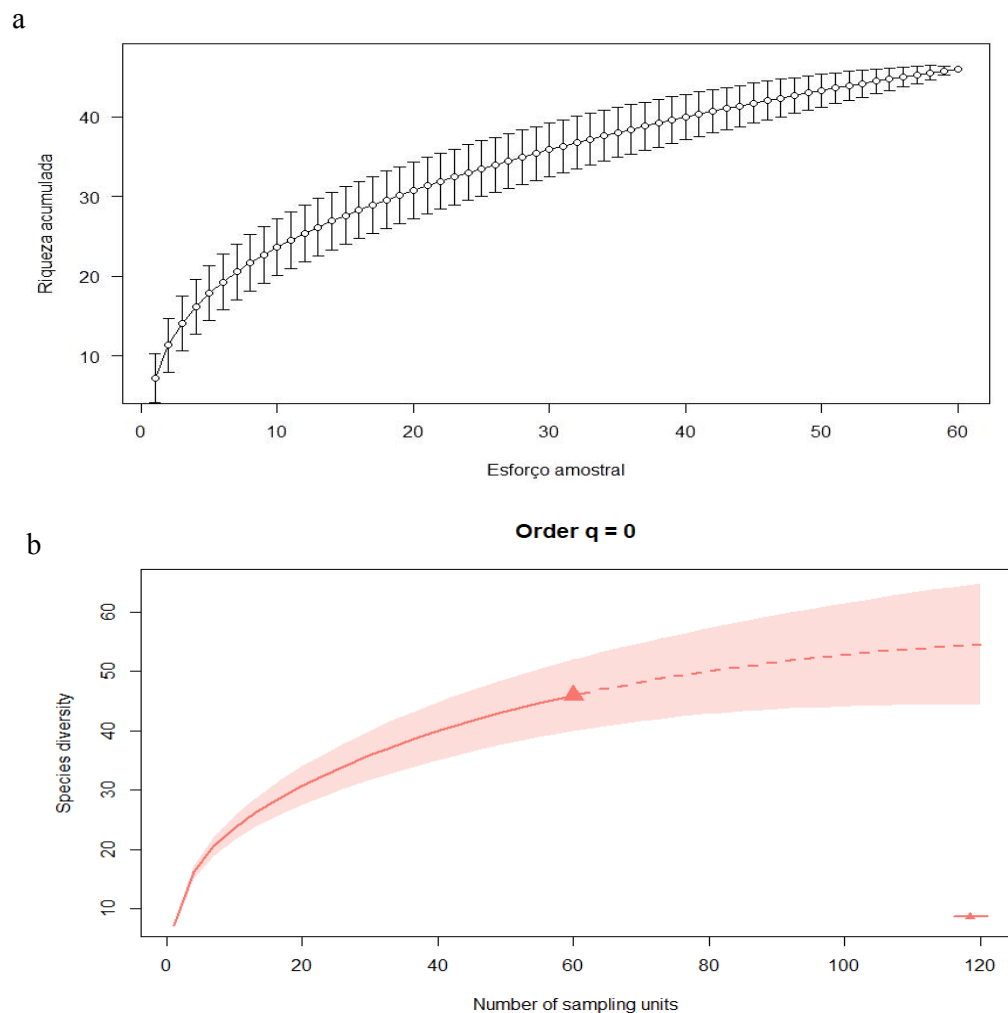
Figura 6. Representatividade, em percentagem, de cada gênero de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau –PE.



Fonte: A autora, 2018.

A curva de acumulação de espécies de FMA não atingiu o ponto de estabilização, indicando que o esforço amostral não foi suficiente para acessar toda a riqueza esperada de FMA nas áreas avaliadas no PARNA do Catimbau (Figura 7a). A curva de extrapolação demonstrou que seria necessário quase o dobro de amostras para caracterizar adequadamente a riqueza de FMA (Figura 7b).

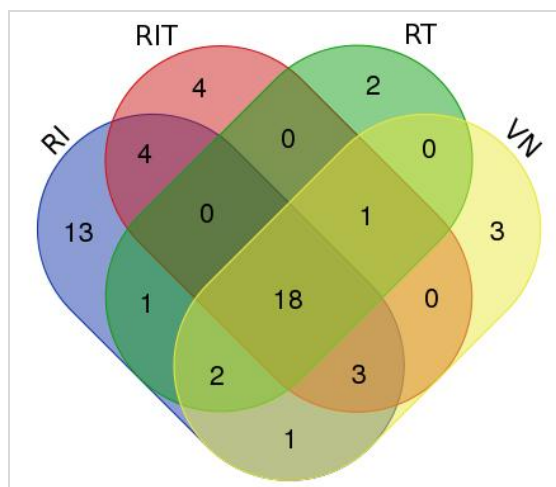
Figura 7. Curva de acumulação (a) e extrapolação (b) de espécies de FMA considerando as áreas de regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).



Fonte: A autora, 2018.

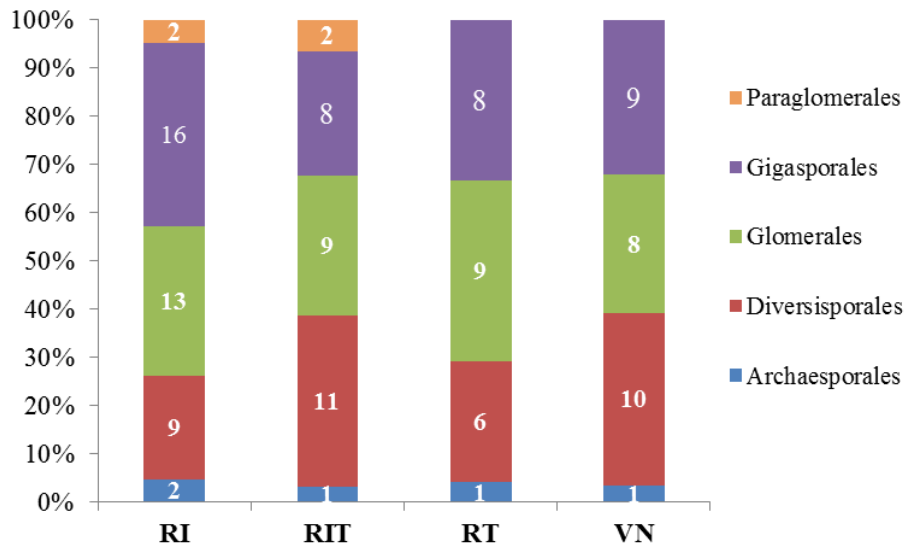
Dos 52 táxons de FMA identificados, apenas 18 foram compartilhados entre todas as áreas estudadas (34,61%) (Figura 8). A maioria dos táxons foi exclusiva (42,30%), sendo 13 para o estágio de regeneração inicial (*Ambispora gerdemannii*, *Diversispora*

Figura 8. Diagrama de Venn da riqueza de táxons de FMA entre as áreas em regeneração e com vegetação natural, no PARNA do Catimbau (PE).



Nas amostras coletadas, membros de Paraglomerales foram registrados apenas nos solos das áreas em estágio de regeneração inicial e intermediário (Figura 9), enquanto membros de Glomerales e Gigasporales foram mais representativos nas áreas de regeneração inicial. Representantes de Archaeosporales e Diversisporales foram registrados nas áreas em estágios de regeneração e nas áreas de vegetação natural; no entanto, a distribuição de Archaeosporales ocorreu de maneira uniforme entre as áreas.

Figura 9. Representatividade do número de táxons em cada ordem de FMA em todas as áreas estudadas (regeneração e vegetação natural) no PARNA do Catimbau (PE).



RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia; VN – Vegetação natural. Fonte: A autora, 2018.

De modo geral, a riqueza (S), os índices de diversidade de Margalef (d) e de Shannon (H') e de dominância de Simpson (D) não diferiram nas áreas estudadas. O índice de equitabilidade de Pielou (J') diferiu apenas entre as áreas em regeneração intermediária e tardia (Tabela 9).

Tabela 9. Riqueza por amostra (S), índices de diversidade de Margalef (d) e de Shannon (H'); equitabilidade de Pielou (J') e dominância de Simpson (D) em solos com diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

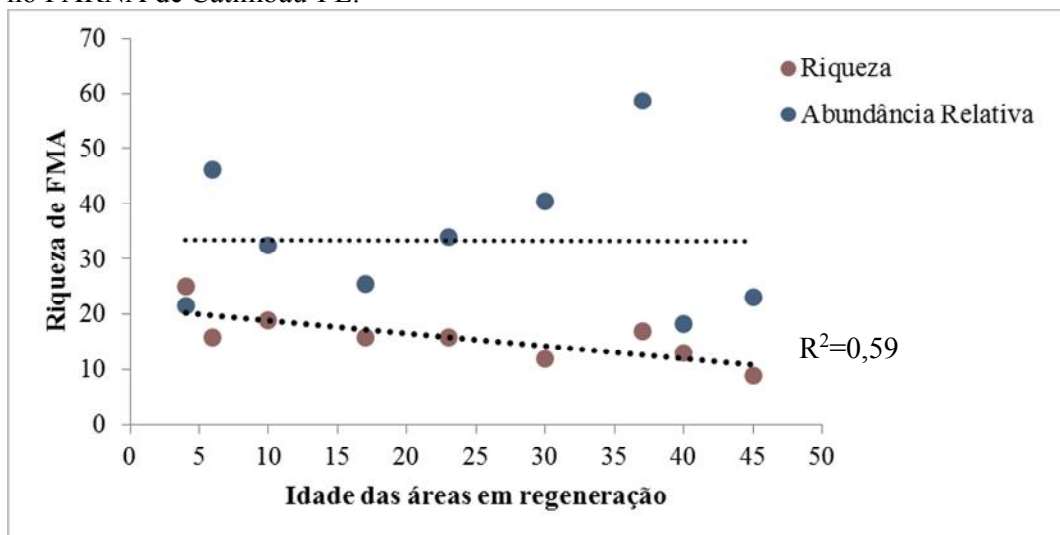
Áreas	S	D	H'	J'	D
RI	8,46 a	1,81 a	1,52 a	0,74 ab	0,65 a
RIT	7,00 a	1,55 a	1,28 a	0,66 b	0,67 a
RT	6,80 a	1,64 a	1,49 a	0,81 a	0,76 a
VN	6,46 a	1,62 a	1,28 a	0,77 ab	0,64 a

Médias seguidas da mesma letra, na coluna, não diferem pelo Teste de Tukey ($p < 0,05$). RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia; VN – Vegetação natural. Fonte: A autora, 2018.

O número de espécies (S) não diferiu nas áreas em regeneração e nas de vegetação natural (Tabela 9). No entanto, quando o número de espécies de FMA foi relacionado

com as idades de cada estágio, houve uma discreta tendência ($R^2= 0,59$) de diminuição do número de espécies com o avanço da idade da vegetação; contudo, não se observou essa tendência para a abundância relativa (Figura 10).

Figura 10. Riqueza e abundância relativa de FMA nas áreas em estágios de regeneração no PARNA de Catimbau-PE.



Fonte: A autora, 2018.

4 MODULADORES DAS ASSEMBLEIAS DE FMA

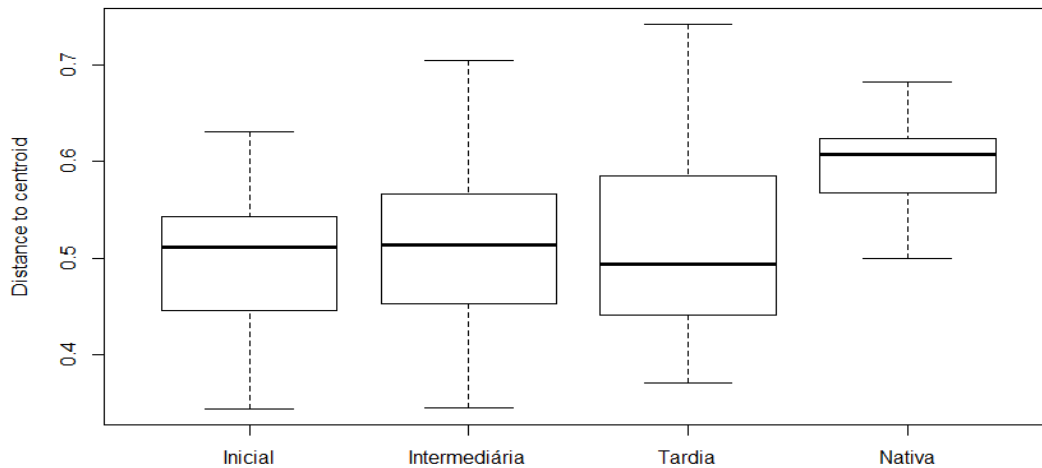
De acordo com os resultados da PERMANOVA ($F_{3,1}=2,15$; $p<0,008$), as comunidades de plantas não diferiram entre as áreas, o mesmo ocorrendo em relação aos FMA ($F_{3,12}=2,16$; $p<0,008$). Com base na análise de *Betadisper*, a composição das assembleias de FMA exibiu dispersão heterogênea nas áreas em regeneração e de vegetação natural ($p<0,01$) (Figura 11).

Tabela 10. Análise da PERMANOVA da comunidade de planta e da assembleia de FMA nos diferentes estágios de regeneração e na área de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Áreas	Planta	FMA
	<i>p</i>	
RI vs. RIT	0,701000	0,222200
RI vs. RT	0,505900	0,099600
RI vs. VN	0,098700	0,034200
RIT vs. RT	1,000000	0,076700
RIT vs. VN	0,701200	0,002900
RT vs. VN	0,701300	0,003800

RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN –Vegetação natural. Correção de Bonferroni ($p<0,008$). Fonte: A autora, 2018.

Figura 11. *Betadisper* das assembleias de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

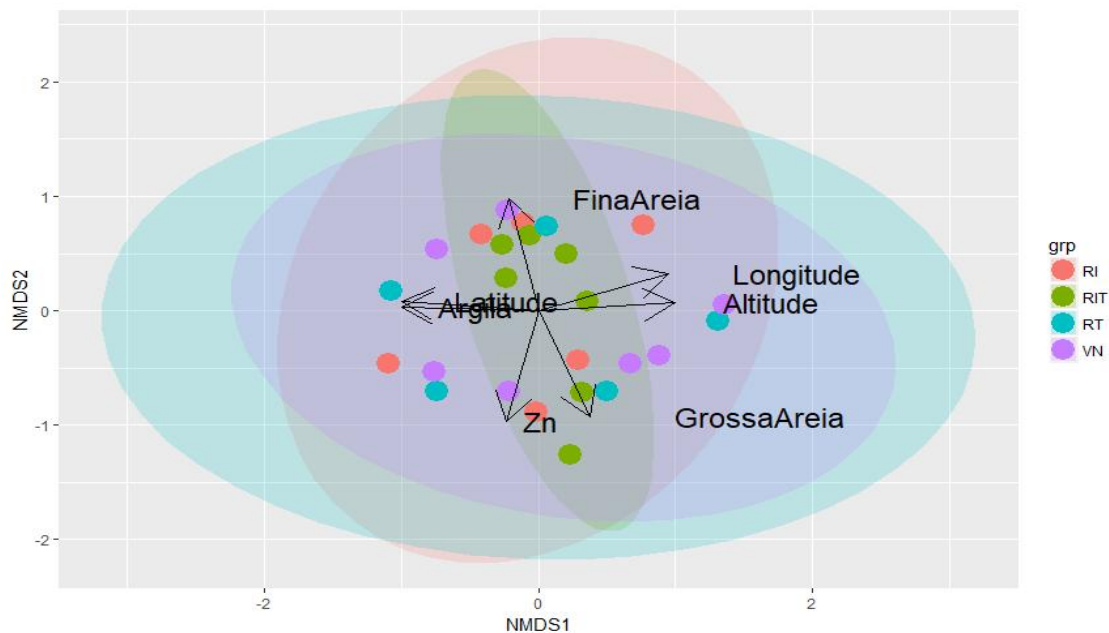


Fonte: A autora, 2018.

A ordenação das áreas no espaço multidimensional com base na composição das assembleias de FMA não apresentou um claro padrão de distribuição, uma vez que a composição e a distribuição das assembleias de FMA não são diferentes entre os locais (Figura 12). No entanto, os teores de areia fina, areia grossa, argila e Zn influenciaram a dispersão dos FMA nas condições avaliadas. Além dessas propriedades do solo, dados de longitude e altitude também são fatores relevantes influenciando a distribuição dos FMA.

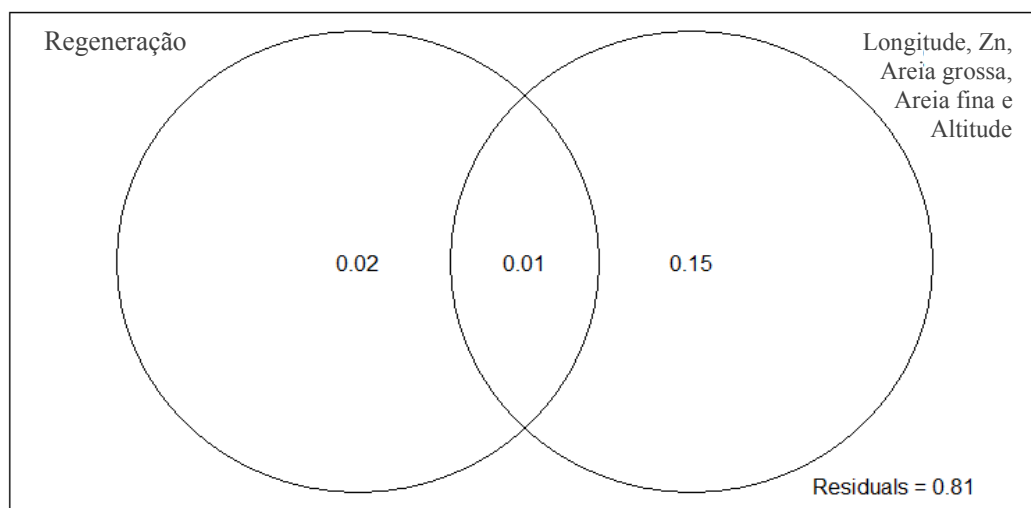
A partição da variância demonstrou que os dois grupos de preditores representados pelos estágios de regeneração e propriedades químicas e físicas do solo e dados espaciais influenciaram significativamente o padrão de distribuição das assembleias de FMA, explicando 19% da variação (Figura 13). As propriedades físicas e os dados espaciais do solo foram responsáveis por explicar 17% e os estágios de regeneração apenas 2%, indicando que a regeneração pouco contribui para a distribuição das assembleias de FMA (Figura 13).

Figura 12. NMDS da distribuição das assembleias de FMA, entre as áreas em regeneração e de vegetação natural do no PARNA do Catimbau (PE), com base nas variáveis ambientais.



Fonte: A autora, 2018.

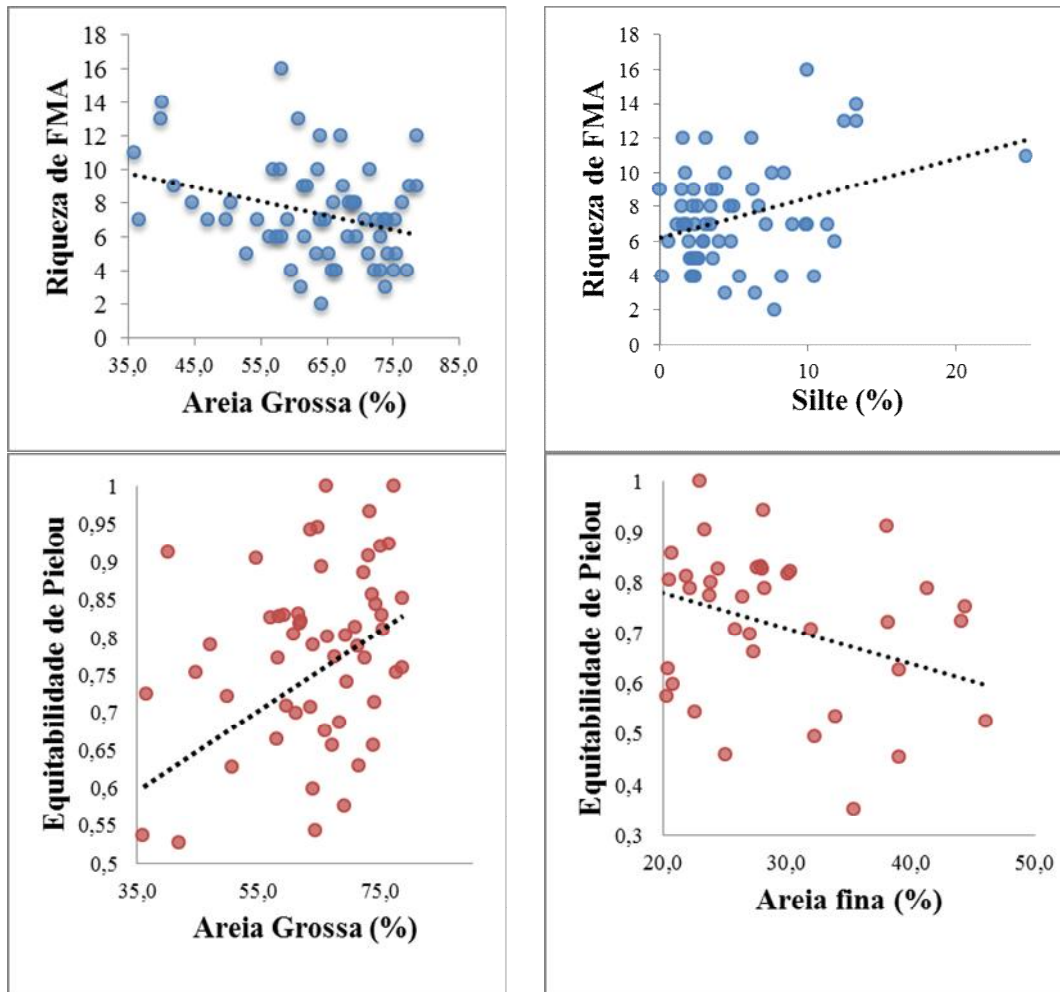
Figura 13. Diagrama representando a partição da variância para as assembleias de FMA dividida entre os dois conjuntos de variáveis explicativas: variáveis ambientais (plantas e propriedades espaciais) e propriedades edáficas.



Fonte: A autora, 2018.

As correlações de Pearson entre as variáveis indicadas pelo NMDS e pelo Varpart e os dados ecológicos foram significativas ($p<0,05$) para a riqueza e os conteúdos de areia grossa ($r=-0,313$) e de silte ($r=0,34$) e para a equitabilidade de Pielou e os teores de areia grossa ($r=0,36$) e areia fina ($r=-0,39$); entretanto, observa-se que o r das correlações é baixo (Figura 14).

Figura 14. Correlação das variáveis ambientais correlacionadas com a riqueza e o índice de equitabilidade (Pielou) de FMA nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).



Fonte: A autora, 2018.

5 DISCUSSÃO

O presente estudo contribui para o conhecimento da riqueza, diversidade, composição e distribuição dos FMA de áreas em regeneração espontânea e vegetação natural na região semiárida do Brasil. No total foram identificados 52 táxons de FMA a partir das amostras de campo e de culturas armadilhas, e apenas sete desses não foram identificados até o nível de espécie. Esse número é considerado bastante representativo quando são comparados outros estudos em áreas de Caatinga. A partir do levantamento feito para esse trabalho, 52 espécies representam 46% das espécies conhecidas para a Caatinga (113). No nosso estudo, a curva de extrapolação de espécies estima que deveriam ser coletadas o dobro de amostras para conhecer adequadamente a diversidade de FMA para as áreas estudadas. O déficit amostral também referido em outros estudos na Caatinga (PONTES et al., 2017a; TEIXEIRA-RIOS et al., 2013), demonstra que o conhecimento sobre a diversidade dos FMA nesse bioma está subestimado e o número de espécies de FMA para a Caatinga é superior aos apresentados.

As regiões semiáridas, incluindo a Caatinga, abrigam comunidades distintas de FMA, estruturadas por diversos fatores como solo, clima e ambiente. Estudos demonstram que as propriedades do solo são importantes moduladores da distribuição e composição dos FMA em diferentes ecossistemas (BENEDICTE et al., 2017; CHAUDHARY et al., 2018; OEHL et al., 2010; SILVA et al., 2014; SOUSA et al., 2018). A biota das regiões semiáridas é fortemente influenciada pelo regime hídrico (RITO et al., 2017), portanto a distribuição das chuvas e a sazonalidade também são considerados importantes moduladores das assembleias de FMA (fatores não avaliados neste trabalho) (CHAUDHARY et al., 2018; PAGANO et al., 2013; SILVA et al., 2014).

Apesar da alta similaridade entre as assembleias de FMA nas áreas, foi observada predominância de algumas espécies nos estágios em regeneração, quando comparados entre si e, com a vegetação natural. *Ambispora appendicula* foi mais abundante na área de vegetação natural. Pontes et al. (2017a) registraram essa espécie apenas em vegetação natural da Caatinga quando comparada com sistemas agrícolas, sugerindo que esta espécie é mais sensível às perturbações. Nas áreas em regeneração, *Glomus macrocarpum* foi a espécie mais abundante, sendo mencionada para todos os estados brasileiros (REFLORA, 2018), dominando em diferentes ambientes na Caatinga:

vegetação natural (MERGULHÃO et al., 2010; SILVA et al., 2014), *inselbergs* (SOUSA et al., 2018), áreas agrícolas (PONTES et al., 2017a), solos degradados por mineração de gesso (MERGULHÃO et al., 2010) e áreas em regeneração espontânea (SOUSA et al., 2014).

Algumas espécies de FMA podem não ter sua estratégia de vida completamente elucidada pelo modelo C-R-S utilizado por Chagnon et al. (2013), pois algumas espécies são dominantes e apresentam capacidade de adaptação às diferentes condições bióticas e abióticas, sendo referidas como espécies com alta plasticidade (ANGELARD et al., 2014). A plasticidade fenotípica pode ser a resposta para a constância adaptativa dos FMA, demonstrado como um possível mecanismo para explicar a habilidade dominante de *Glomus macrocarpum* em diversos ambientes (ANGELARD et al., 2014; PEREIRA et al., 2014; PONTES et al., 2017a; ZANGARO; MOREIRA, 2010).

De modo geral, *Acaulospora* foi o gênero mais representativo com 25% do total de táxons registrados, seguido de *Glomus* (17%); os demais gêneros obtiveram cada um, menos de 7% de representatividade. Táxons de *Acaulospora* e *Glomus* têm sido registrados em áreas de Caatinga (MERGULHÃO et al., 2010; PAGANO et al., 2011; PONTES et al., 2017a; SILVA et al., 2014; SOUSA et al., 2014; SOUSA et al., 2018) e em diversos ecossistemas como dunas fluviais e marinhas (ASSIS et al., 2016), Cerrado (PONTES et al., 2017b), Mata Atlântica sob diferentes usos (PEREIRA et al., 2014) e em áreas com diferentes estágios sucessionais de Caatinga (SOUSA et al., 2014). Esses gêneros possuem o maior número de espécies descritas, favorecendo a maior recuperação dessas espécies para os mais diversos ambientes. Entretanto, a dominância de gêneros de FMA pode estar relacionada a fatores ambientais como características do solo (físicas, químicas e biológicas), dos hospedeiros (espécie, ciclo de vida, hábito, características fisiológicas e sucessão), dos FMA (estratégia de vida, dispersão) e da área (histórico de perturbação e altitude) (BENEDICTE et al., 2017; CHAGNON et al., 2013; LIU; WANG, 2003; LÓPEZ-GARCÍA et al., 2017; OEHL et al., 2010; PAGANO et al., 2011; SOUSA et al., 2018).

Embora não tenha ocorrido diferença significativa na riqueza de espécies entre as áreas com diferentes níveis de regeneração e a vegetação natural, o maior número absoluto de espécies de FMA foi registrado nas áreas em estágio de regeneração inicial (42), seguida da regeneração intermediária (32 espécies), vegetação natural (28 espécies) e regeneração tardia (24 espécies). Na Caatinga o número de espécies de FMA

identificadas em outros trabalhos é variável e as características das áreas influenciam a riqueza desses fungos. Em diferentes estágios de regeneração da Caatinga (*strictu sensu*) na Paraíba, Sousa et al. (2014a) encontraram apenas 16 espécies de FMA, sendo o maior número registrado na área de regeneração tardia durante a estação seca (10). Por outro lado, Sousa et al. (2018) registraram 82 espécies de FMA ao longo de *inselbergs* no Nordeste do Brasil.

A montagem de culturas armadilhas possibilitou a recuperação e a identificação de seis táxons de FMA que não foram observados diretamente nas amostras de campo (*Acaulospora dilatata*, *Claroideoglossum* sp.1, *Glomus halonatum*, *Gigaspora albida*, *Scutellospora aurigloba* e *Bulpospora minima*). Diversos trabalhos referem-se à cultura armadilha como técnica complementar aos estudos morfológicos de FMA (OEHL et al., 2010; PONTES et al., 2017a); esse método auxilia na recuperação de táxons não identificados diretamente nas amostras de campo. No entanto, possui limitações; por exemplo, as espécies de plantas utilizadas como iscas podem restringir a esporulação de alguns grupos de FMA (LIU; WANG, 2003) e muitas vezes não é possível replicar as condições de campo às quais as espécies estão adaptadas (SILVA et al., 2014). Além disso, algumas espécies de FMA apresentam esporulação tardia, necessitando de no mínimo quatro meses para esporular (OEHL et al., 2010); no presente estudo as culturas armadilhas foram mantidas por seis meses em casa de vegetação, fato que pode explicar que apenas mais seis espécies tenham sido identificadas.

A maioria dos táxons foi exclusiva (20) e dentre esses, 13 foram registradas unicamente nas áreas de regeneração inicial. Entretanto, à medida que o tempo de regeneração aumenta, o número de espécies exclusivas diminui. Espécies exclusivas podem estar associadas à ocorrência de microhabitats específicos (CHAUDHARY et al., 2018). Em relação à frequência relativa, a área em regeneração inicial apresentou maior número de espécies raras (19 espécies), seguida das áreas de vegetação natural (oito) e de regeneração intermediária (sete). Nas áreas de regeneração tardia apenas *Scutellospora calospora* e *Cetranspora gilmorei* foram classificadas como raras. A maior proporção de espécies raras pode estar relacionada à presença do fungo no solo na forma de outros propágulos como micélio extrarradicular ou raízes colonizadas que não podem ser acessados em estudos morfológicos (VARELA-CERVERO et al., 2015). A partir de dados moleculares, esses autores observaram que em regiões semiáridas, representantes de Dentiscutataceae e Scutellosporaceae eram registrados principalmente sob a forma de micélio extrarradicular.

Dentre as espécies mais frequentes, *A. scrobiculata* e *G. macrocarpum* são comumente encontrados em solos tropicais e podem ser consideradas generalistas (PONTES et al., 2017b).

Acaulospora lacunosa foi a única espécie indicadora da vegetação natural, enquanto para as áreas em regeneração não houve registro de nenhuma espécie indicadora. A conservação *in situ* objetiva uma proteção mais integrada do solo e da vegetação e pode ser considerada como uma estratégia mais eficiente para a conservação da diversidade dos FMA (CHAUDHARY et al., 2018).

Dentre as espécies identificadas nas áreas estudadas, *Diversispora pustulata* e *Paraglomus laccatum* são novos registros para o Brasil e *Acaulospora cavernata* constitui um novo registro para a Caatinga.

A alta densidade de glomerosporos na área de regeneração inicial em comparação com a de vegetação natural, pode ser resultado da presença de espécies ruderais com elevada taxa de esporulação (Glomeraceae), principalmente *Glomus australe*, *G. macrocarpum* e *Glomus* sp.2. Além das espécies ruderais, a presença de espécies tolerantes ao estresse (Acaulosporaceae) com alta taxa de esporulação (*Acaulospora longula*, *A. mellea* e *A. scrobiculata*) também contribuiu para o maior número de glomerosporos nessa área. Os esporos acaulosporóides em geral passam por um período de dormência no solo, tolerando distúrbios mecânicos (VAN DER HEYDE et al., 2017) como pisoteio de animais (caprinos e bovinos), comumente referidos no PARNA do Catimbau (RITO et al., 2017). Na forma de glomerosporos, os fungos persistem no solo por mais tempo e encontram-se bem estabelecidos em solos ácidos com escassez hídrica, apresentando significativa contribuição no percentual de indivíduos em todos os estágios em regeneração e na área de vegetação natural.

Espécies de Gigasporaceae foram referidas em todas as áreas em regeneração e na de vegetação natural. Membros de Gigasporaceae investem mais em micélio extrarradicular do que em glomerosporos, o que pode ter contribuído para baixa representatividade dessa família nas áreas estudadas. Membros de Gigasporaceae são competidores e são mais suscetíveis a distúrbios no solo (OEHL et al., 2010; VAN DER HEYDE et al., 2017).

Espécies de Diversisporaceae e Paraglomeraceae não foram registradas no estágio de regeneração tardia e na vegetação natural. Em uma meta-análise realizada com dados de 902 artigos, Yang et al. (2017) observaram que as funções dos FMA eram

filogeneticamente conservadas e que os benefícios da simbiose eram mais proeminentes no hospedeiro quando a diversidade nas famílias de FMA foi maior do que a diversidade de espécie. Esses autores indicaram que a ausência de algumas famílias pode comprometer a sustentabilidade da restauração, uma vez que ocorre a redução de alguns táxons funcionalmente importantes.

No PARNA do Catimbau, as assembleias de FMA não diferiram quanto à distribuição e composição de espécies entre as áreas estudadas. Esse resultado refutou parcialmente a primeira hipótese que presumia mudanças nas assembleias de FMA entre os estágios de regeneração e a vegetação natural. A segunda hipótese admitia um maior número de espécies ruderais no início da regeneração, o que não foi totalmente refutado, uma vez que na área de regeneração inicial se registrou o maior número absoluto de espécies de Glomeraceae e também a maior frequência relativa para a maioria das espécies dessa família.

As assembleias de FMA das áreas em regeneração e com vegetação natural não diferiram quanto à riqueza, os índices de diversidade (de Margalef e de Shannon) e de dominância (de Simpson). Entretanto, o índice de equitabilidade (de Pielou) foi maior para o estágio de regeneração tardia (0,81) e menor para a área de regeneração intermediária (0,66). O índice de equitabilidade de Pielou (J') permite representar a uniformidade da distribuição dos indivíduos entre as espécies existentes e seu valor apresenta uma amplitude de zero (uniformidade mínima) a um (uniformidade máxima). Baixos índices de J' indicam menor uniformidade entre as espécies de FMA; isto é, maior número de espécies raras prevalece em meio a um menor número de espécies dominantes, como ocorre na área de regeneração intermediária quando comparada com a de regeneração tardia, onde há maior número de espécies dominantes e apenas duas espécies raras.

Assim como observado para as assembleias de FMA, a comunidade vegetal também não diferiu quanto à composição e distribuição nas áreas estudadas. Segundo Lôbo et al. (2011) as perturbações antrópicas nas florestas tropicais favorecem a homogeneização taxonômica, onde as comunidades de plantas pioneiras tornam-se progressivamente dominantes nas florestas secundárias, substituindo espécies climácias. Essas alterações podem gerar efeitos sobre a dinâmica das assembleias de FMA; García de León et al. (2016) estudando áreas em regeneração natural nas ilhas Muhu e Saaremaa do mar Báltico (Estônia), observaram que alterações na comunidade de plantas produzem efeitos significativos sobre a assembleia de FMA.

A ordenação NMDS com base na composição da assembleia de FMA não apresentou um claro padrão de distribuição; entretanto, indicou as propriedades físicas do solo (areia fina, areia grossa e argila) e o Zn como influenciadores na dispersão dos FMA. Além dessas propriedades do solo, dados de longitude e altitude também são fatores relevantes influenciando a distribuição dos FMA.

A partição da variância demonstrou que as propriedades físicas do solo (areia fina, areia grossa e argila), o Zn e os dados espaciais (longitude e altitude) indicadas no NMDS foram responsáveis por explicar 17% no padrão de distribuição da assembleia de FMA, enquanto os estágios de regeneração explicaram apenas 2% dessa distribuição, indicando que a regeneração pouco contribui para a distribuição das assembleias de FMA nas áreas avaliadas. Logo, a distribuição dos FMA nas áreas em regeneração e na área de vegetação natural se dá em função das características do habitat (hipótese do habitat) (ZOBEL; ÖPIK, 2014). Esses resultados corroboram os descritos por Sousa et al. (2018) em regiões semiáridas; esses autores observaram que as propriedades do solo foram um fator modulador da assembleia de FMA mais importante do que os hospedeiros.

As propriedades físicas do solo, principalmente as frações granulométricas, estão associadas à: qualidade do solo, aeração, disponibilidade de nutrientes, capacidade de infiltração de água e formação de microhabitats (LEFF et al., 2018). Em regiões semiáridas, os teores de areia, silte e argila no solo implicam em condições favoráveis ou limitantes para o estabelecimento e distribuição de diferentes comunidades biológicas como plantas, besouros, formigas e fungos (LEAL et al., 2017; SALOMÃO; IANNUZZI, 2017; ZHAO et al., 2017).

Neste trabalho foi observada correlação entre as variáveis ecológicas (riqueza e equitabilidade de Pielou) e as proporções de areia fina e grossa e silte no solo. Em diversos estudos morfológicos e moleculares foi observado que a textura e/ou a distribuição do tamanho das partículas do solo afetou a composição de assembleias de FMA em regiões tropicais, temperadas e semiáridas (CHAUDHARY et al., 2018; LEKBERG et al., 2007; OHEL et al., 2010; SOUSA et al., 2018). Em condições limitantes, a relação solo-FMA tende a ser mais intensa e a textura do solo tem se mostrado importante modulador das assembleias de FMA em regiões semiáridas.

Ainda que o número de estudos que abordam aspectos relacionados à regeneração e aos FMA tenha crescido nos últimos anos, publicações com dados gerados no bioma Caatinga ainda são escassos. Assim, na elaboração do Plano de

Manejo do PARNA do Catimbau, recomenda-se incorporar o habitat em que as espécies se encontram levando em conta suas características (pH, textura do solo, fitofisionomias, e outras) (CHAUDHARY et al., 2018). Os dados obtidos ressaltam o caráter prioritário do PARNA do Catimbau, com alta diversidade e potencial para pesquisas científicas sobre FMA na Caatinga, como organismos constituintes da biodiversidade e com funcionalidades ecológicas distintas.

A conservação da diversidade dos FMA na Caatinga requer uma estratégia de conservação integrada que envolva tanto a proteção da vegetação quanto a conservação do solo. O monitoramento da regeneração representa um importante mecanismo para a conservação da biodiversidade, pois possibilita a constatação do estado atual da área, podendo ser extrapolado para outras áreas da Caatinga ou usado para definir áreas prioritárias em outras regiões com carência de informações biológicas.

6 CONCLUSÕES

Os FMA apresentam uma comunidade diversas no PARNA do Catimbau, com 52 espécies, que não se encontram uniformemente distribuídas.

Os estágios de regeneração não estão influenciando a ocorrência dos FMA e, embora não tenha ficado bem definido, o fator que se mostra mais determinante da composição das assembleias de FMA é o substrato, sendo as propriedades físicas do solo (areia fina, areia grossa e argila) os principais moduladores da distribuição desses fungos nas áreas estudadas.

Entre os Glomeromycotina, representantes das famílias Acaulosporaceae e Glomeraceae suportam melhor as condições ambientais do PARNA do Catimbau e *Acaulospora lacunosa* é indicadora de áreas de vegetação natural na Caatinga analisada.

REFERÊNCIAS

- ALVES, J.J.A.; ARAÚJO, M.A.D.; NASCIMENTO, S.S.D. Degradação da caatinga: uma investigação ecogeográfica. **Revista Caatinga**, v. 22, n.3, p.126-135, 2009.
- ANDRADE, Denis Juvenço et al. Incidence and diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and successor herbaceous plants in an agro-system irrigated with produced water. **Symbiosis**, v. 71, n. 3, p. 223-232, 2017a.
- ANDRADE, Eunice Maia et al. Water s Capital and Its Uses in the Caatinga In: **Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America**. Springer, pp.281-302, 2017b.
- ANDRADE, L. A. **Os impactos provocados pela invasão da algaroba na caatinga nordestina**. Areia: UFPB/Fundação O Boticário de Proteção à Natureza, mimeo, 2004.
- ASSIS, Daniele Magna Azevedo et al. Community structure of arbuscular mycorrhizal fungi in fluvial and maritime dunes of Brazilian Northeast. **Applied Soil Ecology**, v. 108, p. 136-146, 2016.
- ANGELARD, Caroline et al. Rapid genotypic change and plasticity in arbuscular mycorrhizal fungi is caused by a host shift and enhanced by segregation. **The ISME journal**, v. 8, n. 2, p. 284, 2014.
- AYALA-OROZCO, Bárbara et al. Resilience of Soil Properties to Land-Use Change in a Tropical Dry Forest Ecosystem. **Land Degradation & Development**, v. 29, n. 2, p. 315-325, 2018.
- BENEDICTE, Bachelot et al. Associations among arbuscular mycorrhizal fungi and seedlings are predicted to change with tree successional status. **Ecology**, 2017.
- BERBARA, R.L. et al. III-Fungos micorrízicos arbusculares: muito além da nutrição. Nutrição Mineral de Plantas. In: FERNANDES, M. S. **Nutrição mineral de plantas**. Viçosa, Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 432p, 2006.
- BEZERRA, Jadson DP et al. Bezerromycetales and Wiesneriomycetales ord. nov.(class Dothideomycetes), with two novel genera to accommodate endophytic fungi from Brazilian cactus. **Mycological Progress**, v. 16, n. 4, p. 297-309, 2017.
- BLASZKOWSKI, J. et al. Glomeromycota. W. Szafer Institute of Botany, Polish **Academy of Sciences**, 2012.
- BLASZKOWSKI, Janusz et al. Two new genera, Dominikia and Kamienskia, and D. disticha sp. nov. in Glomeromycota. **Nova Hedwigia**, v. 100, n. 1-2, p. 225-238, 2015.
- BLASZKOWSKI, Janusz et al. A new family, Pervetustaceae with a new genus, Pervetustus, and P. simplex sp. nov.(Paraglomeraceae), and a new genus, *Innospora* with I. majewskii comb. nov.(Paraglomeraceae) in the Glomeromycotina. **Nova Hedwigia**, v. 105, n. 3-4, p. 397-410, 2017.
- BLASZKOWSKI, J.; CHWAT, G. Septoglomus deserticola emended and new combinations in the emended definition of the family Diversisporaceae. **Acta Mycologica**, v. 48, n. 1, 2013.
- BONFANTE, Paola; GENRE, Andrea. Mechanisms underlying beneficial plant–fungus interactions in mycorrhizal symbiosis. **Nature communications**, v. 1, p. 48, 2010.
- BROWER, J. E.; ZAR, J. H. Community similarity. In: BROWER, J.E., ZAR, J. H. (Ed.). **Field and laboratory methods for general ecology**. 3rd. ed. W.C. Brown Publishers, 1984.
- CARRILLO-SAUCEDO, Silvia Margarita; GAVITO, Mayra E.; SIDDIQUE, Ilyas. Arbuscular mycorrhizal fungal spore communities of a tropical dry forest ecosystem show resilience to land-use change. **Fungal Ecology**, v. 32, p. 29-39, 2018.

- CARVALHO, Fernanda et al. The mosaic of habitats in the high-altitude Brazilian rupestrian fields is a hotspot for arbuscular mycorrhizal fungi. **Applied Soil Ecology**, v. 52, p. 9-19, 2012.
- CHAGNON, Pierre-Luc et al. A trait-based framework to understand life history of mycorrhizal fungi. **Trends in plant science**, v. 18, n. 9, p. 484-491, 2013.
- CHAO, Anne et al. Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. **Ecological Monographs**, v. 84, n. 1, p. 45-67, 2014.
- CHAUDHARY, V. Bala; CUENCA, Gisela; JOHNSON, Nancy C. Tropical-temperate comparison of landscape-scale arbuscular mycorrhizal fungal species distributions. **Diversity and Distributions**, v. 24, n. 1, p. 116-128, 2018.
- CLARKE, K. R.; GORLEY, R. N. Primer version 6.0, Computer program and User Manual/Tutorial, 1-190. 2006.
- CLEMENTS, Frederic Edward. **Plant succession: an analysis of the development of vegetation**. Carnegie Institution of Washington, 1916.
- DAVISON, J. et al. Global assessment of arbuscular mycorrhizal fungus diversity reveals very low endemism. **Science**, v. 349, n. 6251, p. 970-973, 2015.
- DEBOSZ, K.; RAMUSSEN, P.H.; PEDERSEN, A.B. Temporal variations in microbial biomass C and cellulolytic enzyme activity in arable soils: effects of organic matter input. **Applied Soil Ecology** 13: 209-218, 1999.
- DUFRENE, M.; LEGENDRE, P. Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. **Ecological monographs**, v. 67, n. 3, p. 345-366, 1997.
- DUMBRELL, Alex J. et al. Idiosyncrasy and overdominance in the structure of natural communities of arbuscular mycorrhizal fungi: is there a role for stochastic processes?. **Journal of Ecology**, v. 98, n. 2, p. 419-428, 2010.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). Manual de análises químicas de solos, plantas e fertilizantes. Embrapa Solos, Embrapa Informática Agropecuária. Fábio César da Silva (Org.), Brasília. 370p, 1999.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). Disponível em http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia16/AG01/arvore/AG01_2_10112005101011.htm>. Acesso em: 27 de janeiro de 2018.
- FIGUEIRÊDO, L.S.; RODAL, M.J.N. & MELO, A.L. Florística e fitossociologia da vegetação caducifólia espinhosa arbustiva no município de Buíque, Pernambuco. *Naturalia*. 25: 205-224; 2000.
- FONSECA, Carlos Roberto et al. Conservation Opportunities in the Caatinga. In: **Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America**. Springer, pp.429-443, 2017.
- FREIRE, Neison Cabral Ferreira. Mapeamento e Análise Espectro-Temporal das Unidades de Conservação de Proteção Integral da Administração Federal no Bioma Caatinga: Parque Nacional do Catimbau. 2015.
- FURAZOLA, Eduardo et al. *Acaulospora herrerae*, a new pitted species in the Glomeromycetes from Cuba and Brazil. **Nova Hedwigia**, v. 97, n. 3-4, p. 401-413, 2013.
- FREITAS, Nicácio de Oliveira et al. Soil biochemistry and microbial activity in vineyards under conventional and organic management at Northeast Brazil. **Scientia Agricola**, v. 68, n. 2, p. 223-229, 2011.

- GARCÍA DE LEÓN, David et al. Symbiont dynamics during ecosystem succession: co-occurring plant and arbuscular mycorrhizal fungal communities. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 92, n. 7, 2016.
- GERDEMANN, J. W.; NICOLSON, T. H. Spores of mycorrhizal endogone species extracted from soil by wet sieving and decanting. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 46, n. 2, p. 235–244, 1963.
- GIANINAZZI, Silvio et al. Agroecology: the key role of arbuscular mycorrhizas in ecosystem services. **Mycorrhiza**, v. 20, n. 8, p. 519-530, 2010.
- GLEASON, Henry A. The individualistic concept of the plant association. **Bulletin of the Torrey botanical club**, p. 7-26, 1926.
- Glomerales in Flora do Brasil 2020 em construção*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB94836>>. Acesso em: 05 Mar. 2018.
- GIOVANETTI, M.; MOSSE, B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots. **New Phytologist**, n. 84, p. 489–50, 1980.
- GOMES, Ana Paula de Souza; RODAL, Maria Jesus Nogueira; MELO, André Laurênio de. Florística e fitogeografia da vegetação arbustiva subcaducifolia da Chapada de São José, Buíque, PE, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v.20, n.1, p.37- 48, 2006.
- GOMIDE, Plínio Henrique Oliveira et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in vegetation types in the Pantanal of Nhecolândia, Mato Grosso do Sul, Brazil. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 38, n. 4, p. 1114-1127, 2014.
- GOTO, Bruno Tomio et al. Racocetra intraornata, a new species in the Glomeromycetes with a unique spore wall structure. **Mycotaxon**, v. 109, n. 1, p. 483-491, 2009.
- GOTO, B. T. et al. Checklist of the arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota) in the Brazilian semiarid. **Mycotaxon**, v. 113, p. 251–254, 2010.
- HARPER, John L. et al. Population biology of plants. **Population biology of plants.**, 1977.
- HART, M.M.; READER, R.J.; KLINOMOS, J.N. Life-History Strategies of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in Relation to Their Successional Dynamics. *Mycologia*. Vol. 93, No. 6 (Nov. - Dec., 2001), pp. 1186-1194.
- HIIESALU, Inga et al. Species richness of arbuscular mycorrhizal fungi: associations with grassland plant richness and biomass. **New Phytologist**, v. 203, n. 1, p. 233-244, 2014.
- HU, Wentao et al. Arbuscular mycorrhizas influence Lycium barbarum tolerance of water stress in a hot environment. **Mycorrhiza**, v. 27, n. 5, p. 451-463, 2017.
- JENKINS, W. A rapid centrifugal-flotation technique for separating nematodes from soil. **Plant Disease Reporter**, v. 48, n. 13, p. 692, 1964.
- KINGSLAND, Sharon E. Defining ecology as a science. **Foundations of ecology. Classic papers with commentaries. The University of Chicago Press, Chicago & London**, p. 1-13, 1991.
- KOCH, Alexander M. et al. Evolutionary asymmetry in the arbuscular mycorrhizal symbiosis: conservatism in fungal morphology does not predict host plant growth. **New Phytologist**, v. 214, n. 3, p. 1330-1337, 2017.
- KOHLER, J. et al. Unraveling the role of hyphal networks from arbuscular mycorrhizal fungi in aggregate stabilization of semiarid soils with different textures and carbonate contents. **Plant and soil**, v. 410, n. 1-2, p. 273-281, 2017.
- KOZIOL, Liz; BEVER, James D. The missing link in grassland restoration: arbuscular mycorrhizal fungi inoculation increases plant diversity and accelerates succession. **Journal of Applied Ecology**, v. 54, n. 5, p. 1301-1309, 2017.

- LEAL, Laura C.; ANDERSEN, Alan N.; LEAL, Inara R. Anthropogenic disturbance reduces seed-dispersal services for myrmecochorous plants in the Brazilian Caatinga. **Oecologia**, v. 174, n. 1, p. 173-181, 2014.
- LEAL, I.R.; RIBEIRO-NETO, J.D.; ARNAN, X.; OLIVEIRA, F.M.P.; ARCOVERDE, G.B.; FEITOSA, R.M.; ANDERSEN, A.N. Ants of the Caatinga: Diversity, Biogeography, and Functional Responses to Anthropogenic Disturbance and Climate Change in the Caatinga In: Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America. Springer. pp.65-95, 2017.
- LEGENDRE, Pierre. Studying beta diversity: ecological variation partitioning by multiple regression and canonical analysis. **Journal of Plant Ecology**, v. 1, n. 1, p. 3-8, 2008.
- LIMA, Edvaneide Leandro et al. New lichen species from Vale do Catimbau, Pernambuco, Brazil. **The Bryologist**, v. 116, n. 4, p. 327-329, 2013.
- LIU, Runjin; WANG, Fayuan. Selection of appropriate host plants used in trap culture of arbuscular mycorrhizal fungi. **Mycorrhiza**, v. 13, n. 3, p. 123-127, 2003.
- MAIA, L.C., YANO-MELO, A.M., GOTO, B.T. Filo Glomeromycota. Cap. VI. pp. 109- 126. In: Gusmão, L.F.P., Maia, L.C. (eds) **Diversidade e caracterização dos fundos do semi-árido**. Série Instituto milênio do semi-árido, Vol. II. Recife, Associação Plantas do Nordeste – APNE e MCT, 2006.
- MARINHO, F. et al. *Bulbospora minima*, a new genus and a new species in the Glomeromycetes from semi-arid Northeast Brazil. **Sydowia**, v. 66, n. 2, p. 313–323, 2014.
- MCCUNE, B.; MEFFORD, M. J. PC-ORD v. 6.255 beta. **MjM Software. Gleneden Beach, Lincoln**, 2011.
- MEDEIROS, R. et al. **Contribuição das unidades de conservação para a economia nacional: Sumário Executivo**. Brasília: UNEP-WCMC, 2011.
- MELLO, C. M. A. DE et al. Diversidade de fungos micorrízicos arbusculares em área de Caatinga, PE, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 26, n. 4, p. 938–943, 2012.
- MERGULHÃO, Adália Cavalcanti do Espírito Santo et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a gypsum mining impacted semiarid area. **Acta botanica brasilica**, v. 24, n. 4, p. 1052-1061, 2010.
- LANFRANCO, Luisa; BONFANTE, Paola; GENRE, Andrea. A Interação Mutualista entre Plantas e Fungos de Micorrizas Arbusculares. **Espectro de microbiologia**, v. 4, n. 6, 2016.
- LEFF, Jonathan W. et al. Previsão da estrutura das comunidades do solo da taxonomia da comunidade vegetal, filogenia e traços. **O ISME Journal**, p. 1, 2018.
- LEKBERG, Ylva; WALLER, Lauren P. What drives differences in arbuscular mycorrhizal fungal communities among plant species?. **Fungal Ecology**, v. 24, p. 135-138, 2016.
- LÔBO, Diele et al. A fragmentação florestal conduz a floresta atlântica do Nordeste do Brasil a homogeneização biótica. **Diversidade e Distribuições**, v. 17, n. 2, p. 287-296, 2011.
- LÓPEZ-GARCÍA, Álvaro et al. Plant traits determine the phylogenetic structure of arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Molecular ecology**, v. 26, n. 24, p. 6948-6959, 2017.
- MAZA-VILLALOBOS, Susana; POORTER, Lourens; MARTÍNEZ-RAMOS, Miguel. Effects of ENSO and temporal rainfall variation on the dynamics of successional communities in old-field succession of a tropical dry forest. **Plos One**, v. 8, n. 12, p. e82040, 2013.

- MERGULHÃO, Adália Cavalcanti do Espírito Santo et al. Morphological and molecular characterization of arbuscular mycorrhizal fungi isolated from gypsum mining areas, Araripina, Pernambuco state, Brazil. **Hoehnea**, v. 41, n. 3, p. 393-400, 2014.
- MORTON, J. B.; BENNY, G. L. Revised classification of arbuscular mycorrhizal fungi (Zygomycetes): a new order, Glomales, two new suborders, Glomineae and Gigasporineae, and two new families, Acaulosporaceae and Gigasporaceae, with an emendation of Glomaceae. **Mycotaxon**, v. 37, p. 471-491, 1990.
- OEHL, F. et al. Advances in Glomeromycota taxonomy and classification. **IMA fungus**, v. 2, n. 2, p. 191-199, 2011.
- OEHL, F. et al. Soil type and use intensity determine the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Soil Biology & Biochemistry**, v. 42, p. 724-738, 2010.
- OEHL, F. et al. *Palaeospora spainii*, a new arbuscular mycorrhizal fungus from Swiss agricultural soils. **Nova Hedwigia**, v. 101, p. 89-102, 2014.
- OKSANEN, Jari et al. **vegan: Community Ecology Package**. R package version 1.17-2. **R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010.
- OLIVEIRA, L. G. et al. Diversity of filamentous fungi isolated from the soil in the semiarid area, Pernambuco, Brazil. **Journal of Arid Environments**, v. 95, p. 49-54, 2013.
- ÖPIK, M.; DAVISON, J. Uniting species- and community-oriented approaches to understand arbuscular mycorrhizal fungal diversity. **Fungal Ecology**, v. 24, p. 106-113, 2016.
- PAGANO, Marcela C. et al. Plant-type dependent changes in arbuscular mycorrhizal communities as soil quality indicator in semi-arid Brazil. **Ecological Indicators**, v. 11, n. 2, p. 643-650, 2011.
- PAGANO, Marcela C.; ZANDEVALLI, Roberta B.; ARAÚJO, Francisca S. Biodiversity of arbuscular mycorrhizas in three vegetational types from the semiarid of Ceará State, Brazil. **Applied soil ecology**, v. 67, p. 37-46, 2013.
- PEDONE-BONFIM, Maria Valdirene Leite et al. Mycorrhizal benefits on native plants of the Caatinga, a Brazilian dry tropical forest. **Symbiosis**, v. 74, n. 2, p. 79-88, 2018.
- PELD CATIMBAU/CNPQ. **Projeto ecológico de longa duração sítio Parque Nacional do Catimbau**. Disponível em: <<https://www.peldcatimbau.org/projeto>>. Acesso em: 4 fevereiro de 2018.
- PHILLIPS, J. M.; HAYMAN, D. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular arbuscular fungi for rapid assessment of infection. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 55, n. 1, p. 158-161, 1970.
- PEREIRA, Jadergudson et al. First report of *Phyllachora serjaniicola* causing tar-spot on *Cardiospermum grandiflorum*. **Tropical Plant Pathology**, v. 35, n. 4, p. 245-247, 2010.
- PEREIRA, Camilla Maciel Rabelo et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in Atlantic forest areas under different land uses. **Agriculture, ecosystems & environment**, v. 185, p. 245-252, 2014.
- PIELOU, E. C. **Ecological diversity**. New York: Wiley, 1975.
- PONTES, Juliana S. et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in Brazil's Caatinga and experimental agroecosystems. **Biotropica**, v. 49, n. 3, p. 413-427, 2017 a.
- PONTES, Juliana Souza et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the Brazilian's Cerrado and in soybean under conservation and conventional tillage. **Applied soil ecology**, v. 117, p. 178-189, 2017 b.
- R Core Team. 2017. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <https://www.R-project.org/>

- RIBEIRO-NETO, J. D. et al. Chronic anthropogenic disturbance causes homogenization of plant and ant communities in the Brazilian Caatinga. **Biodiversity and Conservation**, v. 25, n. 5, p. 943–956, 2016.
- RITO, Kátia F. et al. Precipitation mediates the effect of human disturbance on the Brazilian Caatinga vegetation. **Journal of Ecology**, v. 105, n. 3, p. 828–838, 2017.
- SALOMÃO, Renato P.; IANNUZZI, Luciana. How Do Regeneration Stages of Caatinga Forests Influence the Structure of Dung Beetle (Coleoptera: Scarabaeidae) Assemblage?. **The Coleopterists Bulletin**, v. 71, n. 3, p. 578–588, 2017.
- SAMPAIO, E. Caracterização do bioma Caatinga: Características e potencialidades. In: GARIGLIO, M. et al. (Eds.). **Uso sustentável e conservação dos recursos florestais da Caatinga**. Brasília, DF: Serviço Florestal Brasileiro, p. 35–63, 2010.
- SCHENCK, N. C.; PÉREZ, Y. **Manual for the identification of VA mycorrhizal fungi**. 3^o ed. Gainesville: Synergistic Publ., 1990.
- SFAIR, Julia C. et al. Chronic human disturbance affects plant trait distribution in a seasonally dry tropical forest. **Environmental Research Letters**, v. 13, n. 2, p. 025005, 2018.
- SILVA, D. K. A. DA et al. *Scutellospora pernambucana*, a new fungal species in the Glomeromycetes with a diagnostic germination orb. **Mycotaxon**, v. 106, p. 361–370, 2008.
- SILVA, D. K. A. DA et al. The community of arbuscular mycorrhizal fungi in natural and revegetated coastal areas (Atlantic Forest) in northeastern Brazil. **Biodiversity and Conservation**, v. 24, n. 9, p. 2213–2226, 2015.
- SILVA, F. C. DA et al. Análises químicas para avaliação da fertilidade do solo: Métodos usados na Embrapa Solos. EMBRAPA, p. 44, 1998.
- SILVA, Francisco de Assis Santos; AZEVEDO, Carlos Alberto Vieira. The Assistat Software Version 7.7 and its use in the analysis of experimental data. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 39, p. 3733–3740, 2016.
- SILVA, G. A. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in a semiarid copper mining area in Brazil. **Mycorrhiza**, v. 15, n. 1, p. 47–53, 2005.
- SILVA, Iolanda Ramalho et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi along an environmental gradient in the Brazilian semiarid. **Applied soil ecology**, v. 84, p. 166–175, 2014.
- SILVA, José Maria Cardoso; LEAL, Inara R.; TABARELLI, Marcelo (Ed.). The Caatinga: Understanding the Challenges, In: **Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America**. Springer, pp. 3–19, 2017.
- SILVA, José Maria Cardoso; BARBOSA, Luís Cláudio Fernandes. Impacto f Human Aciviies on the Caatinga, In: **Caatinga: The Largest Tropical Dry Forest Region in South America**. Springer, pp.359–368, 2017.
- SMITH, S.; READ, D. **Mycorrhizal symbiosis**. 3th editio ed. San Diego: Academic Press, 2008.
- SOBRINHO, Mellissa S. et al. Land use, fallow period and the recovery of a Caatinga forest. **Biotropica**, v. 48, n. 5, p. 586–597, 2016.
- SOUSA, Natália MF et al. Predictors of Arbuscular Mycorrhizal Fungal Communities in the Brazilian Tropical Dry Forest. **Microbial ecology**, v. 75, n. 2, p. 447–458, 2018.
- SOUSA, C.S. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in successional stages of caatinga in the semi-arid Region of Brazil. **Ciência Florestal**. v.24, n.1, p.137–148, 2014.
- SOUZA, F. A.; DECLERCK, S. Mycelium development and architecture, and spore production of *Scutellospora reticulata* in monoxenic culture with Ri T-DNA transformed carrot roots. **Mycologia**, v. 95, n. 6, p. 1004–12, 2003.

- SOUZA, R. G. et al. Diversidade e potencial de infectividade de fungos micorrízicos arbusculares em área de caatinga, na Região de Xingó, Estado de Alagoas, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 26, n. 1, p. 49–60, 2003.
- SYMANCZIK, Sarah et al. A new genus, *Desertispora*, and a new species, *Diversispora sabulosa*, in the family Diversisporaceae (order Diversisporales, subphylum Glomeromycotina). **Mycological Progress**, p. 1-13, 2018.
- SPATAFORA, J. W. et al. A phylum-level phylogenetic classification of zygomycete fungi based on genome-scale data. **Mycologia**, v. 108, n. 5, p. 1028-1046, 2016.
- TABARELLI, Marcelo; LOPES, Ariadna V.; PERES, Carlos A. Edge-effects Drive Tropical Forest Fragments Towards an Early-Successional System. **Biotropica**, v. 40, n. 6, p. 657-661, 2008.
- TEIXEIRA-RIOS, T. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi in a semi-arid, limestone mining-impacted area of Brazil. **Acta Botanica Brasilica**, v.27, n.4, p.688-693, 2013.
- TESTE, F. P.; DICKIE, I. A. Mycorrhizas Across Successional Gradients. In: **Mycorrhizal Mediation of Soil**. p. 67-89, 2017.
- VAN DER HEIJDEN, M.G.A et al. Different arbuscular mycorrhizal fungal species are potential determinants of plant community structure. *Ecology*, v. 79, n. 6, p. 2082-2091, 1998.
- VAN DER HEIJDEN, Marcel GA; WIEMKEN, Andres; SANDERS, Ian R. Different arbuscular mycorrhizal fungi alter coexistence and resource distribution between co-occurring plant. **New Phytologist**, v. 157, n. 3, p. 569-578, 2003.
- VAN DER HEYDE, Mieke et al. Arbuscular mycorrhizal fungus responses to disturbance are context-dependent. **Mycorrhiza**, v. 27, n. 5, p. 431-440, 2017.
- VARELA-CERVERO, Sara et al. The composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities differs among the roots, spores and extraradical mycelia associated with five Mediterranean plant species. **Environmental microbiology**, v. 17, n. 8, p. 2882-2895, 2015.
- VIEIRA, I. R.; DE ARAÚJO, F. S.; ZANDAVALLI, R. B. Shrubs promote nucleation in the Brazilian semi-arid region. **Journal of arid environments**, v. 92, p. 42-45, 2013.
- YANG, Haishui et al. Taxonomic resolution is a determinant of biodiversity effects in arbuscular mycorrhizal fungal communities. **Journal of Ecology**, v. 105, n. 1, p. 219-228, 2017.
- YANO-MELO, A. M.; TRUFEM, S. F. B.; MAIA, L. C. Arbuscular mycorrhizal fungi in salinized and surrounded areas at the São Francisco Submedium Valley, Brazil. **Hoehnea**, v. 30, n. 2, p. 79-87, 2003.
- ZANGARO, Waldemar et al. Investment in fine roots and arbuscular mycorrhizal fungi decrease during succession in three Brazilian ecosystems. **Biotropica**, v. 44, n. 2, p. 141-150, 2012.
- ZANGARO, W.; MOREIRA, M. Micorrizas arbusculares nos biomas Floresta Atlântica e Floresta de Araucária. In: SIQUEIRA JO, DE SOUZA FA, CARDOSO EJBN, T. S. (Ed.). **Micorrizas 30 anos de pesquisa no Brasil**. Lavras: UFLA, 2010. p. 279–310.
- ZHANG, Chao et al. Natural succession on abandoned cropland effectively decreases the soil erodibility and improves the fungal diversity. **Ecological Applications**, v. 27, n. 7, p. 2142-2154, 2017.
- ZHANG, Y.; GUI, L.D.; LIU, R.J. Survey of arbuscular mycorrhizal fungi in deforested and natural forest land in the subtropical region of Dujiangyan, southwest China. **Plant and Soil**, v.261, p.257-263, 2004.
- ZOBEL, Martin; ÖPIK, Maarja. Plant and arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) communities—which drives which?. **Journal of Vegetation Science**, v. 25, n. 5, p. 1133-1140, 2014.

WARTCHOW, Felipe; TULLOSS, Rodham E.; CAVALCANTI, Maria AQ. *Amanita lippiae*: a new species from the semi-arid caatinga region of Brazil. **Mycologia**, v. 101, n. 6, p. 864-870, 2009.

WETZEL, Katharina et al. Superior differentiation of arbuscular mycorrhizal fungal communities from till and no-till plots by morphological spore identification when compared to T-RFLP. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 72, p. 88-96, 2014.

APÊNDICE A

Tabela 11. Espécies de plantas identificadas nas áreas em regeneração e de vegetação natural no PARNA do Catimbau (PE).

Espécies de plantas	Áreas			
	RI	RIT	RT	VN
<i>Acalypha brasiliensis</i>				X
<i>Allamanda blanchetti</i>	X			
<i>Allamanda</i> sp.1	X			
<i>Anacardium occidentale</i>				
<i>Anadenanthera colubrina</i>			X	X
<i>Annona leptopetala</i>	X	X	X	
<i>Apuleia leiocarpa</i>	X	X	X	
<i>Aspidosperma multiflorum</i>	X		X	
<i>Aspidosperma</i> sp.1				X
<i>Alternanthera</i> sp.1	X	X		
<i>Asteraceae</i> sp.1		X	X	X
<i>Bauhinia acuruana</i>	X	X		
<i>Bignoneaceae</i> sp.1	X	X		
<i>Byrsonima</i> sp.1		X	X	
<i>Calliandra</i> sp.1		X		
<i>Campomanesia eugenioides</i>	X		X	
<i>Casearia sylvestris</i>			X	
<i>Celtis iguanaea</i>			X	
<i>Chamaecrista zygophylloides</i>	X	X		
<i>Cnidocolus bahianus</i>	X	X	X	X
<i>Commiphora leptophloeos</i>			X	X
<i>Cordia rufescens</i>				X
<i>Croton argyrophylloides</i>		X		
<i>Croton blanchetianus</i>	X	X	X	X
<i>Croton grewiioides</i>	X	X	X	
<i>Croton nepetifolius</i>	X			X
<i>Croton</i> sp.1	X	X	X	X
<i>Cynophalla flexuosa</i>	X	X	X	X
<i>Dalbergia cearensis</i>	X	X		
<i>Dalbergia</i> sp1	X	X		
<i>Ditaxis desertorum</i>	X			X
<i>Dioclea</i> sp.1				X
<i>Erythroxylum revolutum</i>		X	X	
<i>Erythroxylum subrotundum</i>		X	X	
<i>Eugenia brejoensis</i>		X	X	
<i>Euphorbiaceae</i>		X		
<i>Fabaceae</i> sp.1	X	X		
<i>Fabaceae</i> sp.2		X		
<i>Fabaceae</i> sp.3		X		
<i>Ficus</i> sp.1			X	
<i>Guapira graciliflora</i>		X	X	
<i>Guapira noxia</i>	X	X		
<i>Guaripa</i> sp.1				X
<i>Helicteres baruensis</i>		X	X	

<i>Hymenaea martiana</i>	X	X	X	
<i>Hyptis</i> sp.1		X		
<i>Ind-5 Oásis</i>	X			
<i>Ind-11 Porto Seguro</i>		X		
<i>Ind-13 Porto Seguro</i>		X		
<i>Ind-16 Porto Seguro</i>		X		
<i>Ind-18 Porto Seguro</i>		X		
<i>Ind-25 Porto Seguro</i>		X		
<i>Jatropha mutabilis</i>	X	X	X	X
<i>Lantana camara</i>				X
<i>Lantana</i> sp.1		X		
<i>Libidibia férrea</i>			X	X
<i>Lippia alba</i>	X	X	X	
<i>Malpighiaceae</i>	X			X
<i>Manihot carthagenensis</i>	X			
<i>Manihot</i> sp.1		X	X	
<i>Maytenus imbricata</i>				X
<i>Medusantha martiusii</i>				X
<i>Melocactus bahiensis</i>	X	X		X
<i>Melochia tomentosa</i>				
<i>Mimosa</i> sp.1	X	X		
<i>Mimosa</i> sp.2			X	
<i>Mimosa</i> sp.3				
<i>Mimosa tenuiflora</i>		X		
<i>Moquiniastrum oligocephalum</i>		X		
<i>Morfo</i> sp.1				X
<i>Myriopus rubicundus</i>		X		
<i>Myrtaceae</i> sp.1			X	
<i>Myrcia</i> sp.1		X		
<i>Neocalyptrocalyx longifolium</i>	X	X	X	X
<i>NI</i> sp.1				X
<i>Pilosocereus pachycladus</i>		X	X	X
<i>Pilosocereus tuberculatus</i>				X
<i>Piptadenia stipulacea</i>	X	X	X	X
<i>Ptilochaeta bahiensis</i>			X	
<i>Pityrocarpa moniliformis</i>	X	X	X	X
<i>Poincianela microphylla</i>		X	X	X
<i>Psidium scheckianum</i>		X	X	
<i>Sapium glandulosum</i>				X
<i>Schinopsis brasiliensis</i>			X	
<i>Sebastiania cf. larensis</i>		X		
<i>Senna acuruensis</i>				X
<i>Senna macranthera</i> vr. <i>micans</i>			X	
<i>Senna rizzinii</i>		X	X	X
<i>Senna cana</i>			X	X
<i>Senna</i> sp.1		X		X
<i>Senegalia bahiensis</i>	X	X	X	X
<i>Senegalia piauiensis</i>				X
<i>Senegalia</i> sp.1		X		X
<i>Solanum</i> sp.1		X	X	

<i>Simaba ferruginea</i>			X	
sp.1				X
sp. 6				X
<i>Syagrus coronata</i>	X	X	X	X
<i>Solanum</i> sp.1			X	
<i>Tacinga palmadora</i>		X	X	X
<i>Trischidium molle</i>		X	X	X
<i>Turnera cearensis</i>	X	X		
<i>Waltheria brachypetala</i>	X	X		X
<i>Varronia</i> sp.1		X	X	
<i>Zanthoxylum stelligerum</i>	X	X		X

RI – Regeneração inicial; RIT – Regeneração intermediária; RT – Regeneração tardia e VN – Vegetação natural. Fonte: Laboratório de Ecologia Vegetal e Aplicada/UFPE como parte dos estudos de ecologia vegetal do Projeto de Longa Duração (PELD); www.peldcatimbau.org.