

UFRRJ

INSTITUTO DE BIOLOGIA

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
FITOSSANIDADE
E BIOTECNOLOGIA APLICADA**

DISSERTAÇÃO

**DINÂMICA POPULACIONAL DA MICROBIOTA ASSOCIADA A
DECOMPOSIÇÃO DA SERAPILHEIRA DE DUAS ESPÉCIES
ARBÓREAS DA MATA ATLÂNTICA**

Fabiana Rodrigues Baldez

2018



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE BIOLOGIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOSSANIDADE E
BIOTECNOLOGIA APLICADA**

**DINÂMICA POPULACIONAL DA MICROBIOTA ASSOCIADA A
DECOMPOSIÇÃO DA SERAPILHEIRA DE DUAS ESPÉCIES
ARBÓREAS DA MATA ATLÂNTICA**

FABIANA RODRIGUES BALDEZ

Sob Orientação do Professor
Dr. Marcelo Elias Fraga

Tese submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Ciências**, no Programa de Pós-Graduação em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada, Área de Concentração em Biotecnologia Aplicada.

Seropédica, RJ
Agosto/2018

R171d Rodrigues Baldez, Fabiana , 1990-
Dinâmica populacional da microbiota associada a
decomposição da serapilheira de duas espécies arbóreas
da Mata Atlântica / Fabiana Rodrigues Baldez. - 2018.
66 f.: il.

Orientador: Marcelo Elias Fraga.
Dissertação (Mestrado). -- Universidade Federal Rural
do Rio de Janeiro, Pós-Graduação em Fitossanidade e
Biotecnologia Aplicada, 2018.

1. Conservação da natureza. 2. Microbiota
decompositora. 3. Serapilheira. 4. Ciclagem de
nutrientes. I. Elias Fraga, Marcelo , 1967-, orient.
II Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Pós
Graduação em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada
III. Título.

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE BIOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOSSANIDADE E
BIOTECNOLOGIA APLICADA

FABIANA RODRIGUES BALDEZ

Dissertação submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Ciências** no Curso de Pós-Graduação em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada, área de concentração em Biotecnologia Aplicada.

DISSERTAÇÃO APROVADA EM 20/08/2018.

Prof. Dr. Marcelo Elias Fraga, D. Sc., Biólogo UFRRJ/IV/
Depto. Microbiologia e Imunologia Veterinária (DMIV)
(Orientador)

Prof. Dra. Cristiane Figueira da Silva, Eng. Florestal
Pesquisadora junto ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais e Florestais-
PPGCAF/ UFRRJ
(Membro Titular)

Prof. Dr. Ednaldo da Silva Araújo, Eng. Agrônomo
Pesquisador da Embrapa Agrobiologia
(Membro Titular)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por me sustentar em momentos críticos.

À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, pelo acolhimento, desde a graduação até o atual momento.

Ao Programa de Pós-graduação em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada pela oportunidade de estar alcançando mais um degrau na carreira acadêmica.

Ao meu orientador, Dr. Marcelo Elias Fraga, por ter dado um voto de confiança me entregando esse projeto, por toda a sua serenidade e comprometimento.

À professora Dra. Tatiana Saldanha, por me orientar em toda a parte de análise lipídica, juntamente, com sua orientada Fernanda Ferreira, a técnica de laboratório, Ivanilda Augusta. Ao Daniel Cordeiro por fazer dos dias difíceis mais leves com suas infinitas conversas.

Ao professor Dr. Marcos Gervasio por todo auxílio dado na parte de decomposição e nutrição, por ter me enviado seu orientado, Wilbert Cabreira que, com toda paciência, me passou seu conhecimento em relação às análises feitas e me auxiliou na montagem do experimento.

Aos meus familiares e amigos, por me compreenderem em um momento tão complexo, de aperfeiçoamento acadêmico.

RESUMO

BALDEZ, Fabiana. **Dinâmica populacional da microbiota associada a decomposição da serapilheira de duas espécies arbóreas da Mata Atlântica**. 2018. 66 p. Dissertação (Mestrado em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada). Instituto de Biologia, Departamento de Entomologia e Fitopatologia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ. 2018.

Em uma floresta tropical, a ciclagem de nutrientes é dependente da microbiota decompositora. Visando entender como se dá a dinâmica populacional desses micro-organismos ao decorrer do tempo e se há alguma influência no grau de decomposição da serapilheira, foi realizado o estudo com duas espécies arbóreas nativas da Mata Atlântica, o pau-brasil (*Caesalpinia echinata*) e ingá (*Inga* sp). Foram realizadas coletas durante um período de 365 dias para a avaliação da decomposição da serapilheira, a qual acondicionou-se folhas secas, provenientes das espécies escolhidas, em sacos de polivinil, chamados *litter bags*, que foram colocados abaixo de suas respectivas copas de árvores, quantificando a taxa de decomposição através de medida de perda de massa ao decorrer do tempo. A fim de diferenciar e quantificar os micro-organismos da serapilheira foi feita a contagem de Unidades Formadoras de Colônia (UFC) através do método de cultivo em placas e, biomarcadores por perfil de ácidos graxos de cada amostra. Ao final do experimento comparou a decomposição entre as duas espécies associando-a a sua microbiota, ao seu teor nutricional e aos elementos climáticos (temperatura e umidade). A maior taxa de decomposição, tanto para o pau-brasil quanto para o ingá, ocorreu no período de maior precipitação, e ao final de 365 dias, houve diferença significativa na perda de massa vegetal entre as espécies. O pau-brasil foi a espécie que teve maior predominância da maioria dos grupos de micro-organismos, a espécie também apresentou maior concentração e maior taxa de liberação de N, P e K, maior velocidade de decomposição. Foi observado correlação da taxa de liberação dos nutrientes com os 140 dias de decomposição e correlação entre a maioria dos micro-organismos com 30 dias de decomposição. A taxa de liberação de nitrogênio e fósforo estavam associadas a precipitação. Houve correlação entre fungos e a taxa de liberação de P na decomposição da serapilheira do ingá. O biomarcador de bactérias 17:1 foi o único que teve correlação com a taxa de liberação de N e P.

Palavras-chave: *Paubrasilia echinata*, *Inga laurina*, ciclagem de nutrientes.

ABSTRACT

BALDEZ, Fabiana. Populational dynamics of the microbiota associated with the litter of two tree species of the Atlantic Forest. 2018. 66 p. Dissertation (MSc in Phytosanitary and Applied Biotechnology). Institute of Biology, Department of Entomology and Phytopathology, Federal Rural University of Rio de Janeiro, Seropédica, RJ. 2018.

In a tropical forest, nutrient cycling is dependent on the decomposing microbiota. Aiming to understand how the population dynamics of these microorganisms occur over time and if there is any influence on the degree of decomposition of the litter, the study was carried out with two native species of the Atlantic Forest, pau-brasil (*Caesalpinia echinata*) and ingá (*Inga* sp). A total of 365 days were collected for the evaluation of litter decomposition, which were dried leaves from the selected species in polyvinyl bags, called litter bags, placed under their respective tree canopies, quantifying the decomposition rate by measuring mass loss over time. In order to differentiate and quantify the microorganisms from the litter, the counts of colony forming units (CFU) were counted through the plaque culture method and biomarkers by fatty acid profile of each sample. At the end of the experiment it compared the decomposition between the two species, associating it with its microbiota, its nutritional content and the climatic elements (temperature and humidity). The highest rate of decomposition for both pau-brasil and ingá occurred during the period of greatest precipitation, and at the end of 365 days, there was a significant difference in the loss of plant mass among the species. Pau-brasil was the species that had the greatest predominance of most groups of microorganisms, the species also presented higher concentration and higher rate of N,P, and K release, and higher rate of decomposition. Correlation of the nutrient release rate with the 140 days of decomposition and correlation between the majority of microorganisms with 30 days of decomposition was observed. The release rate of nitrogen and phosphorus were associated with precipitation. There was a correlation between fungi and the release rate of P in the decomposition of the ingá litter. The 17: 1 bacterial biomarker was the only one that correlated with the release rate of N and P.

Key words: *Paubrasilia echinata*, *Inga laurina*, nutrient cycling.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Ácidos graxos biomarcadores de micro-organismos.....	13
Tabela 2. Valores da constante K e do tempo de meia-vida das espécies estudadas.	19
Tabela 3. Porcentagem de perda total de nutrientes da serapilheira das espécies estudadas ao decorrer de 365.....	22
Tabela 4. Caracterização da fertilidade do solo na profundidade de 0-5 cm na área de projeção da copa de cada espécie estudada.	22
Tabela 5. Coeficientes de correlação entre as variáveis avaliadas e os eixos da análise de componente principais para a metodologia por cultivo em placa... ..	29
Tabela 6. Coeficientes de correlação entre as variáveis avaliadas e os eixos da análise de componente principais para a metodologia de perfil de ácidos graxos.....	30

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Correlação entre a porcentagem de perda de massa da serapilheira foliar das espécies estudadas (pau-brasil e ingá) e a precipitação ao decorrer de 365 dias..	18
Figura 2. Curva de decomposição da serapilheira do pau-brasil e ingá...	19
Figura 3. Curva de decomposição da serapilheira do pau-brasil e do ingá ao decorrer de 365 dias..	20
Figura 4. Correlação entre liberação de fósforo da serapilheira do pau-brasil e do ingá e temperatura ao decorrer de 365.....	21
Figura 5. Dinâmica populacional dos grupos de micro-organismos da serapilheira das espécies pau brasil (a) e ingá (b) ao decorrer de 365 dias.....	23
Figura 6. Correlação entre a composição da microbiota do pau-brasil (a) e do ingá (b) e a temperatura ao decorrer de 365 dias.	25
Figura 7. Correlação entre a composição da microbiota do pau-brasil (a) e do ingá (b) e a precipitação ao decorrer de 365 dias.	25
Figura 8. Ácidos graxos biomarcadores encontrados no pau-brasil (a) e ingá (b) ao decorrer de 365 dias de decomposição da serapilheira.	27
Figura 9. Análise dos componentes principais.	28

LISTA DE ABREVIACÕES E SÍMBOLOS

Al – Alumínio

ANOVA- Análise de Variância

BF₃- Trifluoreto de boro

C- carbono

Ca- Cálcio

CO₂- gás carbônico

H₂S – Ácido Sulfídrico

K- Potássio

Mg – Magnésio

N- Nitrogênio

NaCl- Cloreto de sódio

NaOH- Hidróxido de sódio

NH₃- Amônia

O₂- oxigênio

P – Fósforo

pH – Potencial Hidrogeniônico

PLFA- Phospholipid Fatty Acid

rDNA- Desoxirribonucleotídeo ribossomal

UFC - Unidade formadora de colônia

UR - Umidade Relativa do ar

Zn – Zinco

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1 Conservação da biodiversidade na Mata Atlântica: flora e microfauna	2
2.2 Decomposição da serapilheira	3
2.3 Microbiota.....	5
2.3.1 Fungos decompositores e sua função celulolítica.....	6
2.3.2 Bactérias decompositoras vs fungos decompositores	6
2.4 Fertilidade do solo vs a microbiota	7
2.4.1 Fósforo	7
2.4.2 Carbono e Nitrogênio.....	8
2.5 Limitações ao desenvolvimento e atuação da microbiota decompositora.....	8
2.6 Perspectivas no estudo comportamental da microbiota.....	10
2.7 Métodos de identificação de micro-organismos	11
3. MATERIAIS E MÉTODOS	14
3.1 Descrição da área de estudo e das espécies selecionadas.....	14
3.2 Implantação do experimento	14
3.3 Decomposição da serapilheira e liberação de nutrientes	15
3.4 Atributos químicos do solo	16
3.5 Avaliação da microbiota.....	16
3.5.1 Unidade Formadora de Colônia	16
3.5.2 Perfil de Ácidos Graxos	17
3.6 Análises estatísticas.....	17
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
4.1 Dinâmica de perda de massa	18
4.2 Constante de decomposição e tempo de meia vida.....	19
4.3 Dinâmica de liberação de nutrientes e fertilidade do solo	20
4.4 Dinâmica populacional da microbiota	23
4.4.1 Método por cultivo em placa e contagem de UFC	23
4.4.2 Método por perfil de ácidos graxos	26

4.4.3 Método por perfil de ácidos graxos vs método por cultivo em placa.....	27
5. CONCLUSÕES	33
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	35

1. INTRODUÇÃO

A Mata Atlântica é rica em biodiversidade de espécies florestais influenciando, diretamente, no funcionamento do ecossistema. Espécies vegetais nativas desse bioma encontram-se em ambientes não-agrícolas, onde a disponibilização de nutrientes dá-se através da decomposição do material vegetal e animal depositado no solo (Auer et al. 2007).

A serapilheira tem como principal componente as folhas de árvores que caem e depositam-se na superfície do solo, sua decomposição libera elementos minerais aos quais são disponibilizados para as plantas, possibilitando a ciclagem de nutrientes.

Fungos, bactérias e actinomicetos formam três grupos distintos que compõem a comunidade microbiana decompositora, na qual cada um tem sua função específica na decomposição do material vegetal.

Para quantificar e identificar os grupos de micro-organismos faz -se necessário o uso de técnicas específicas, podendo ser realizado através do método dependente de cultivo por meio de isolamento em meio de cultura, porém, existem micro-organismos biotróficos, os quais não conseguem crescer em meio artificial, havendo a necessidade do emprego de técnicas de identificação independentes de meio de cultura, tais como biblioteca 18S do rDNA e análise de ácidos graxos.

Assim como todo ser vivo, os micro-organismos possuem a célula como unidade estrutural e funcional, onde é composta por uma membrana plasmática formada por uma bicamada de fosfolípidios, os quais possuem ácidos graxos em sua estrutura. Alguns ácidos graxos são considerados específicos de grupos de micro-organismos e, esses são chamados de biomarcadores.

Presumindo que a perpetuação de uma espécie encontrada em uma floresta tropical de pouco ou nenhum manejo, depende da ciclagem de nutrientes através da comunidade microbiana decompositora e, que também, nesses ambientes florestais há uma grande diversidade microbiana, a qual a maior parte ainda não foi estudada, há a importância do estudo de técnicas de identificação das comunidades microbianas, com o propósito de adquirir mais conhecimento sobre suas funções no ecossistema e suas possíveis aptidões biotecnológicas.

Considerando os argumentos expostos acima, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a comunidade microbiana associada a decomposição da serapilheira, através da identificação dos grupos de micro-organismos por perfil de ácido graxo e por meio de cultivo em placas, analisando as duas metodologias em relação aos micro-organismos, com a finalidade de correlacionar a taxa de decomposição da serapilheira com a microbiota e as condições climáticas, comparando as duas espécies arbóreas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Conservação da biodiversidade na Mata Atlântica: flora e microfauna

As florestas são importantes ecossistemas que sustentam uma grande proporção da biodiversidade global e têm papel fundamental no armazenamento de 45% do carbono terrestre (Pan et al., 2011), sendo as florestas tropicais responsáveis por 35% da produção primária, devido às suas condições climáticas favoráveis (Grace et al., 2001), alcançando o título de um dos principais estoques de carbono do planeta (Pan et al., 2011).

A Mata Atlântica é um bioma de floresta tropical, sendo considerada uma das mais ricas em biodiversidade do mundo, salientando sua riqueza em espécies e em endemismos, esse bioma chega a alcançar níveis de 55% de espécies arbóreas (Joly et al., 1991), sendo apontado, com unanimidade, como único em sua complexidade biológica (Stehmann et al., 2009). No entanto, devido a um panorama alarmante de constante ameaças (Peixoto, 1992), atualmente, a Mata Atlântica encontra-se limitada à pequenas áreas fragmentadas, sobretudo encontradas na região Sul e Sudeste do Brasil (Ribeiro et al., 2009).

Com as mudanças negativas observadas houve a necessidade da elaboração de estratégias em defesa da preservação da biodiversidade através da geração de conhecimento, por meio de estudos relacionados a área (Lima e Guedes Bruni., 1997), esses estudos, no início, eram relacionados a conservação dos ecossistemas, dando foco à biota e às espécies vegetais, desconsiderando a microbiota (Maron et al., 2011), porém, pouco se sabe sobre como esses micro-organismos estão relacionados com a decomposição e a ciclagem de nutrientes (Hattenschwiler et al. 2005), que é um dos principais fatores responsável pela integridade de um ecossistema (You et al., 2014). Contudo, essa perspectiva vem sofrendo mudanças, pois nos últimos anos houve um crescimento significativo de estudos relacionados ao comportamento da microbiota, evidenciando sua atuação nos principais ciclos, tais como o do carbono e do nitrogênio (Wieder et al., 2013).

Há a um nível extremamente complexo das interações entre planta, solo e microbiota (Nannipieri et al., 2003), sendo necessário uma compreensão precisa das propriedades funcionais das comunidades microbianas no solo para poder entender processos ecológicos chave (Lalor et al, 2007). No entanto, mesmo com o avanços metodológicos, ainda há dificuldade nos estudos da biodinâmica do solo, pois nele há ações interdependentes, as quais possuem alta complexidade, podendo haver variação do perfil da microbiota em apenas 2 cm de

profundidade do solo (Weber et al., 2013), tornando esse comportamento diversificado um desafio para os estudos da ecologia microbiana atualmente (Vos et al., 2013).

Devido ao panorama de degradação, há a previsão de que no futuro florestas perturbadas serão dependentes do desenvolvimento de florestas secundárias (Chazdon, 2003) as quais dependem da ciclagem de nutrientes para sua perpetuação (Calvi et al. 2009). E, através de estudos relacionados à serapilheira pode se obter, com maior clareza, como se dá essa interação entre decomposição e microbiota (Uriarte et al. 2015).

2.2 Decomposição da serapilheira

A serapilheira é um importante elo entre a composição da comunidade arbórea, sua produtividade e sua biomassa florestal e processos ecossistêmicos (Uriarte et al. 2015). Estando compreendida na camada mais superficial do solo, a serapilheira é constituída por ramos, órgãos reprodutivos, folhas e detritos que caem das copas das árvores, em razão deos fatores fisiológicos e estímulos abióticos (Costa et al. 2016).

Geralmente, a fração folha é a mais abundante na serapilheira (Bianchin et al., 2016). De acordo com Waksman (1952), de forma geral, os tecidos vegetais, são compostos por celulose (15-60%), Hemicelulose (10-30%), lignina (5-30%), fração solúvel em água (5-30%), fração solúvel em éter (1-15%), proteínas (1-10%). A celulose é uma estrutura bem estável formada por cadeias lineares de D-glicose com ligações β -(1 \rightarrow 4), formando uma fita totalmente ordenada, impedindo, relativamente, a atividade de enzimas, dificultando a degradação.

A hemicelulose é formada por uma cadeia rica em ramificações de xilose e arabinose, inclusive contendo glicose, manose, e galactose, que por sua vez, apresentam maior facilidade de hidrólise (Taiz e Zeiger, 2004). A lignina possui característica de resistência à degradação, se comportando como escudo, ela envolve a celulose, a hemicelulose e as proteínas da parede celular (Berg e McClaugherty, 2008). Há maior velocidade de decomposição na serapilheira que possui em sua estrutura alto conteúdo solúvel, do que há na decomposição da serapilheira que possui alto teor de lignina (Lashermes et al., 2016). Quando a decomposição atinge o estágio mais avançado observa-se maior concentração de lignina (Berg. 2000) e menor concentração de celulose (Heal et al. 1997).

Como já dito, a microbiota é um dos grupos responsáveis pela degradação dessas folhas, disponibilizando matéria orgânica no solo (Barbosa e Faria, 2006), fornecendo nutrientes (Aduan et al., 2003), e dando sustentabilidade à flora (Borges, 2016). Porém, a liberação de nutrientes através da degradação das folhas pode ser influenciada pelas diferentes espécies arbóreas que compõe a serapilheira (Lugo et al. 1990), devido a composição do material vegetal de cada espécie (Sariyildiz e Anderson, 2003), principalmente a microbiota e o ciclo do carbono que são influenciados pela complexidade e estequiometria do substrato vegetal a ser degradado (Whitaker et al., 2014) ou, até mesmo, pode sofrer influência das interações entre nitrogênio, lignina e celulose (Hobbie, 2008), sendo capaz de sofrer influência de até 73% na taxa de decomposição (Zhang et al., 2008).

No entanto, a decomposição da serapilheira não depende somente da composição estrutural do tecido vegetal, pois fatores abióticos também podem formar variados microambientes (interação entre fatores físico-químicos e a biota decompositora) que irão interferir na dinâmica de decomposição do tecido vegetal (Rodrigues et al., 2003), como, por exemplo, as condições edafoclimáticas, que são temperatura, umidade, pH, teores de O₂ e de nutrientes no solo (Paul e Clark, 1996). Um dos fatores mais determinantes é a temperaturas, a qual se correlaciona elevadas temperaturas com maior velocidade de degradação da serapilheira (de Andrade et al., 1999).

Para entender melhor a dinâmica de perda de massa e a taxa de liberação de nutrientes pela serapilheira, pode ser realizado o estudo da decomposição através do acondicionamento de folhas em sacolas de polivinil, chamadas *Litterbags*, com malha de diferentes espessuras. O problema desse método é de que há indícios que a espessura da malha interfira na decomposição do material acondicionado na mesma como, por exemplo, sacolas com espessura muito pequena pode haver a chance de impossibilitar a entrada de espécies decompositoras maiores, já um sacola com espessura maior pode acarretar perda do material vegetal acondicionado, subestimando ou superestimando, respectivamente, a dinâmica de decomposição das folhas acondicionadas (Lekha e Gupta, 1989). Para mensurar a dinâmica de decomposição pode ser utilizado indicadores da respiração do solo, constante K, e avaliações diretas de perda de massa. Porém a constante K só pode ser utilizada em ecossistemas que já atingiram o equilíbrio (Anderson e Swift, 1983).

Outra forma de buscar compreender o processo de decomposição é separando-o por fases, podendo ser dividido em duas fases, a primeira, chamada de fase de perda de compostos solúveis, durando um intervalo de 1 à 2 meses, e a segunda, chamada de fase de ataque aos

compostos estruturais (Gallardo e Merino 1993). Mas também há a divisão em quatro fases, a primeira fase chamada de fase de redução do tamanho das partículas, que é caracterizada pela fragmentação do material vegetal e, é executada pela fauna. A segunda fase é o ataque microbiano inicial, em que há a decomposição de substâncias mais facilmente decompostas (proteínas, amido e celulose), onde fungos esporulantes e bactérias são responsáveis por essa decomposição, formando biomassa e liberando NH_3 , H_2S , CO_2 e ácidos orgânicos. A terceira fase é o ataque microbiano intermediário, onde subprodutos orgânicos e tecidos microbianos são atacados por uma variedade de micro-organismos, produzindo uma nova biomassa, e acentuando-se as perdas de C- CO_2 . A quarta e última fase é o ataque final, que é a decomposição gradual dos componentes mais resistentes, como lignina, por actinomicetos e fungos especialistas (Moreira e Siqueira, 2002).

2.3 Microbiota

A microbiota do solo é um componente importante da biodiversidade terrestre, estando envolvidos em importantes processos biogeoquímicos (Crowther et al., 2014), as bactérias e os fungos são responsáveis por 90% a 95% do total do metabolismo heterotrófico na maioria dos solos (Djukic et al., 2010), tornando esses micro-organismos chave na contribuição à decomposição da matéria orgânica e na mineralização de nutrientes (Courty et al., 2010). Possuindo diferentes funções na degradação da matéria orgânica no solo, esses micro-organismos são elementos básicos e importantes para o fornecimento de nutrientes à planta (Rudnick et al., 2015), através da interação mutualística e simbiótica benéfica (Partida-Martinez et al., 2007).

Esses micro-organismos decompositores podem ser classificados em três grupos diferentes, o primeiro grupo denominado oportunistas, tendo sua alta velocidade de crescimento e especialização em degradar moléculas solúveis, o segundo grupo denominado especialistas, possuindo um crescimento lento, e especialização em degradar celulose e lignocelulose e, o terceiro grupo denominado mineiros, também possuindo crescimento lento, porém, com especialização em degradar lignina.

Em vista dessa especificidade de cada grupo, pode-se inferir que fungos e bactérias têm ação em diferentes substratos na decomposição da matéria orgânica (Mora-Gómez et al., 2016), associado a presença de enzimas específicas para a degradação (Lejon et al., 2005), formando um outro tipo de abordagem na divisão, nesse caso, em quatro grupos distintos: celulolíticos, hemicelulolíticos, pectinolíticos, e ligninolíticos (Tauk, 2018). Salientando que, o fator

determinante para a velocidade da decomposição é a intensidade das atividades de cada enzima secretada (Wickings et al., 2012).

2.3.1 Fungos decompositores e sua função celulolítica

Os fungos são seres vivos eucariotos pertencentes ao reino Fungi (Margulis e Chapman, 2009) desempenhando papéis essenciais em ecossistemas florestais através de processos biogeoquímicos (Ehrlich, 2006), inclusive, os fungos saprofíticos e ectomicorrízicos são essenciais na decomposição da matéria orgânica (Cairney e Meharg, 2002).

Esse micro-organismos precisam de baixa umidade (40-60%) para realizar a fermentação de substratos em estado sólido (Basso et al., 2011), tendo como sua principal função degradar lignina e celulose (Roitman et al., 1991; Auer et al., 2014). Eles possuem altas capacidades enzimáticas na degradação de polímeros vegetais, fornecendo recursos às bactérias pelas quais as mesmas não conseguem obter sozinhas (Romani et al., 2006). Por conseguinte, esse grupo de micro-organismos é considerado como sendo o mais ativo na decomposição da serapilheira (van der Wal et al., 2013).

Quando a biomassa fúngica é insuficiente à decomposição, os actinomicetos desempenham papel semelhante aos fungos na degradação da serapilheira (Helfrich et al., 2015), produzindo enzimas capazes de hidrolisar substratos contendo celulose, hemicelulose e lignina (Ghosh e Prasad, 2010).

2.3.2 Bactérias decompositoras vs fungos decompositores

Há alguns gêneros específicos de bactérias que também possuem atividade celulolítica (Yang et al., 2014), pois carregam genes da enzima celulase e, normalmente, estão associados aos filos Acidobacteria, Actinobacteria, Proteobacteria, Bacteroidetes, e Firmicutes (Haichar et al., 2007; Ulrich et al., 2008; Schellenberger et al., 2010; Goldfarb et al., 2011; Barnard et al., 2013; Berlemont e Martiny, 2013). No entanto, esse grupo de micro-organismos não consegue obter a mesma eficiência quanto à capacidade celulolítica em relação aos fungos (Schneider et al., 2012). Portanto, geralmente, a fase inicial da decomposição está correlacionada com uma maior biomassa fúngica, enquanto que nas fases finais da decomposição, comumente, há o predomínio de bactérias especializadas em degradação principalmente, de compostos aromáticos derivados da decomposição da lignina por fungos (Kielak et al., 2016).

Apesar do fungos serem mais eficientes em degradar celulose, as bactérias são responsáveis pela solubilização do fósforo, aumentando a disponibilidade desse nutriente em

solos de baixa fertilidade e com acidez alta (Sharma et al., 2013). Além disso, bactérias gram-negativas são especializadas na decomposição e assimilação de substratos instáveis (vanilina e glicina) e, são chamadas de estrategistas-r (copiotróficos) (Koranda et al., 2014). Já as gram-positivas mineralizam substratos mais complexos (hemicelulose) (Whitaker et al., 2014), sendo esse último grupo de micro-organismos, juntamente com os fungos, chamados de estrategistas-k (oligotróficos), devido à grande associação com a decomposição da matéria orgânica, mineralizando de forma lenta e eficiente as fontes de carbono recalcitrantes (Koranda et al., 2014).

2.4 Fertilidade do solo vs microbiota

A disponibilidade de nutrientes pode afetar a microbiota, assim também, como a microbiota pode influenciar na disponibilidade de nutrientes no solo (Fontaine et al., 2003). Uma vez que, a limitação de fósforo e nitrato pode influenciar negativamente a comunidade microbiana (Yang et al., 2017) e, altas taxas de respiração microbiana resultam em maior liberação de nutrientes, em curto prazo e, perda de carbono orgânico do solo para atmosfera a longo prazo (Parkin et al., 1996).

Há a hipótese de que a mineralização de matéria orgânica aumenta quando há limitação de nutrientes no solo, isso pode ser explicado devido à uma resposta dos micro-organismos à favor de se conseguir mais carbono, afim de adquirir energia necessária para a decomposição e posterior liberação de nutrientes no solo, essa hipótese é chamada de “Mineração Microbiana” (Craine et al., 2007).

Por outro lado, há a hipótese de “utilização preferencial de substrato”, assumindo que, perante alta disponibilidade de nutrientes a mineralização da matéria orgânica diminui devido aos micro-organismos mudarem constantemente de substratos, afim de adquirir mais energia através da mineralização do carbono instável (Blagodatskaya et al., 2007).

2.4.1 Fósforo

O fósforo total é solubilizado através da ação de micro-organismos do solo (Bhattacharyya e Jha, 2012), incluindo bactérias, fungos e actinomicetos (Sharma et al., 2013), desempenhando papel fundamental na disponibilização e no ciclo biogeoquímico desse nutriente (Khan et al., 2010). Essa disponibilização pode ocorrer através de fungos que, produzem fosfatases e fosfotransferases que, catalisam a reação de hidrólise de ésteres e anidrido ácido fosfórico (Nahas, 2002). Ou, pode ser solubilizado através de bactérias gram-negativas por oxidação direta de glicose ao ácido glucônico (Goldstein, 2000).

Mesmo havendo solubilização do fósforo por bactérias, os fungos do solo são mais eficientes, pois eles são capazes de atravessar, mais facilmente, longas distâncias dentro do solo e, secretam mais ácidos, tais como ácido glucônico, ácido cítrico, ácido lático, ácido 2-cetoglucônico, ácido oxálico, ácido tartárico e ácido acético (Sharma et al. 2013).

2.4.2 Carbono e Nitrogênio

A devolução do nitrogênio para a atmosfera pode ser feita através de algumas bactérias e fungos, sendo este último grupo de micro-organismos apontado como um dos principais responsáveis pela emissão de óxido nitroso na atmosfera, por não possuírem a N_2O redutase (Shoun et al., 1992). Bactérias gram-negativas possuem a característica de fazer nitrificação, com o objetivo de adquirir energia para o seu crescimento, nesse processo há a transformação da amônia em nitrito e nitrato, sendo o último composto disponível às plantas (Chan et al., 1996). Já a disponibilização de carbono no solo dá-se através da degradação de polímeros vegetais da serapilheira pela microbiota decompositora (Cebrian, 1999).

Os fungos aumentam a relação C:N (Lundquist et al., 1999), portanto, a baixa relação C:N favorece o aumento da biomassa bacteriana (Fierer et al., 2009). Tendo os fungos, uma maior eficiência no uso do carbono (Waring et al., 2013). Ressaltando que a liberação de CO_2 está, diretamente, ligada a relação C:N, em que, quanto menor for a relação, mais rápida é a liberação do CO_2 (Araújo et al., 1999).

A mineralização e assimilação do carbono e nitrogênio derivados da matéria orgânica é responsável por dividir a microbiota em grupos, de acordo com as propriedades funcionais de cada um (Schimel e Schaeffer, 2012; Waring et al., 2013), provocando uma modelagem de distribuição desses micro-organismos no solo (Sun et al., 2018).

2.5 Limitações ao desenvolvimento e atuação da microbiota decompositora

A disponibilidade de nutrientes no solo é influenciada pela temperatura, precipitação, altitude e o tipo de vegetação que compõe a serapilheira (Pajares e Brendan, 2016). Essa influência das condições climáticas na liberação dos nutrientes da serapilheira pode ser dada, indiretamente, através da microbiota decompositora, pois essa também sofre influência desses fatores (Berlemont et al., 2014). Sendo necessário estudos mais aprofundados dessas correlações entre, condições climáticas, micro-organismos e liberação de nutrientes para uma melhor compreensão em prol da elaboração de estratégias de preservação (Singh et al., 2010).

A temperatura é um fator que pode influenciar na microbiota, de modo que, quando essa encontra-se baixa há o aumento da eficiência no uso de carbono pela microbiota do solo (Frey

et al., 2013), já em temperaturas altas, causam menor eficiência (Whitaker et al., 2014). Além da temperatura, a umidade pode afetar muitos ecossistemas (Fenn et al., 2010). Assim como a mineralização da matéria orgânica, todos os processos biogeoquímicos do solo são influenciados pela umidade (Rodriguez-Iturbe e Porporato, 2005) e, assim também é observado para os micro-organismos, que respondem à mudança na disponibilidade de água (Bouskill et al., 2013). Inclusive, Sales et al. (2008) e Silva et al. (2010), observaram, em seus respectivos estudos, maior número de UFC de bactérias no período chuvoso.

Tal comportamento da relação da umidade com a microbiota, é explicado pelo fato de que, em condições de estresse, há aumento na produção de enzimas oxidativas pelos micro-organismos, provocando maior degradação de polímeros vegetais, tais como celulose e lignina (Bouskill et al., 2016) e, se o solo apresentar umidade abaixo da ideal pode haver a restrição dessas enzimas, podendo causar estresse osmótico à biota do solo (Manzoni e Katul, 2014). Além disso, a diminuição da umidade pode causar maior oxigenação no solo, desencadeado a precipitação dos metais ferrosos solúveis para metais ferrosos complexos e, juntamente, ocasionando a co-precipitação da matéria orgânica e do fósforo (Kleber et al., 2015).

No entanto, há grupos de micro-organismos que conseguem sobreviver a condição de estresse osmótico, como é o caso das bactérias, devido sua capacidade de produzir biofilmes quando expostas a condições desfavoráveis de umidade, promovendo uma proteção contra ações redox e dessecação devido ao estresse osmótico (O'Toole e Stewart, 2005). Porém, há casos, como, por exemplo, o estudo de Alisson et al. (2013), em que é observada uma queda significativa da biomassa bacteriana quando submetida à um ambiente seco.

Não só as bactérias, mas também os actinomicetos também conseguem sobreviver e, até mesmo, aumentar sua população sob condições de umidade desfavoráveis (Bouskill et al., 2013), uma vez que esses micro-organismos possuem a característica de produzir antibióticos, quando submetidos ao estresse osmótico (Bishop et al., 2004). Em contrapartida, Berlemont et al. (2014), afirmaram que a biomassa de actinomicetos não é influenciada pelas precipitações.

Assim como bactérias e actinomicetos, também há fungos que são menos susceptíveis ao estresse por baixa disponibilidade de água, sendo observados com maior abundância em secas sazonais ou experimentais (Barnard et al., 2013). Embora, na maioria das vezes, a biomassa fúngica tenha correlação positiva com o aumento da precipitação, principalmente, em florestas tropicais (McGuire et al., 2012).

Não somente a temperatura e a água, como também o pH influencia na microbiota, de maneira que quando este encontra-se ácido, observa-se a predominância de bactérias, principalmente, as Acidobactérias e as Proteobactérias (Hiraishi et al., 1995). Entretanto, pode haver um inibição do crescimento de bactérias do solo em favor do crescimento de fungos resistentes a ambientes ácidos, havendo exceções de bactérias, como no caso dos actinomicetos que preferem solos com pH mais alcalino (Pennanen et al. 1998; Rousk et al. 2010;). Porém, um estudo feito por Rousk et al. (2010), analisando a influência do pH na microbiota do solo apontou mudanças significativas apenas em grupos de bactérias, não observando influência significativa no grupo de fungos.

A composição química do material vegetal decomposto também pode interferir na variação dos micro-organismos (Berlemont et al., 2014). A partir de modificações estruturais químicas, os compostos orgânicos alteram a composição da comunidade microbiana, ao decorrer da decomposição, dando origem à uma sucessão de micro-organismos decompositores, portanto, o tipo de floresta, pode influenciar na microbiota (Nie et al., 2012). Em concordância, Berg e Smalla (2009), inferiram que os níveis filogenéticos do vegetal pode afetar a estrutura da microbiota no solo, como, por exemplo, a secreção de aminoácidos, flavonóides e açúcares por espécies arbóreas da família Fabaceae, modulando a estruturação da comunidade microbiana (Szoboszlai et al., 2016). Outro exemplo de modulação da microbiota, é o fato do crescimento de fungos ser dependente da presença de lignina, tornando esse grupo de micro-organismos bastante sensível à mudanças na vegetação (Lauber et al., 2008).

Em suma, as propriedades tanto da planta quanto do solo (Yang et al., 2017) juntamente, com temperatura e disponibilidade de água, influenciam na diversidade da microbiota do solo.

2.6 Perspectivas no estudo comportamental da microbiota

O propósito atual da ecologia está fundamentado na compreensão dos fatores que definem a distribuição e a abundância das espécies, portanto, a estrutura comportamental da diversidade microbiológica também está inclusa nesse objetivo.

Para melhor explicar o comportamento dessas espécies há duas teorias que tratam da problemática da densidade de diferentes grupos de micro-organismos em fases diferentes da decomposição da matéria orgânica, estudando o motivo pelo qual há a predominância de um determinado grupo em um determinado momento. A primeira é a teoria neutra, pressupondo que a semelhança na composição de espécies em um determinado local está estritamente ligada a limitação de dispersão dos indivíduos e, não há espécies favorecidas a determinados nichos,

todas possuem a mesma capacidade de exploração, concluindo que a densidade populacional é totalmente aleatória (McGill et al., 2006).

A segunda teoria é baseada no nicho, a qual diz que fatores ambientais são limitantes às condições de determinados grupos de indivíduos, ou seja, leva-se em consideração a adaptabilidade do micro-organismo para sua permanência no ambiente, ocorrendo uma seleção natural de indivíduos mais adaptados em determinadas restrições, o qual, o comportamento dos indivíduos em determinado meio deve-se à fatores bióticos e abióticos, que acabam delimitando uma área característica, denominada de nicho (McGill et al., 2007).

Kielak et al. (2016), estudaram a sucessão da comunidade bacteriana nas diferentes fases de decomposição da madeira de pinho, aplicando a teoria de nicho ou a neutra, de acordo com as interações das comunidades bacterianas com o meio e, puderam observar que na fase inicial da decomposição a densidade da comunidade bacteriana foi resultante de um processo aleatório (teoria neutra) e nas fases intermediária e final da decomposição, a densidade da comunidade bacteriana foi resultante de fatores ambientais (teoria do nicho).

Outra perspectiva de estudar o comportamento dos micro-organismos é através da relação entre biomassa fúngica e biomassa bacteriana, avaliando suas flutuações ao decorrer do tempo em relação a algum processo, como por exemplo, um estudo da comunidade microbiana entre a conversão de um ecossistema de floresta nativa para um ecossistema de monocultivo onde houve uma dominância da biomassa bacteriana em relação à biomassa fúngica em ambos os ecossistemas (Gannes et al., 2016).

2.7 Métodos de identificação de micro-organismos

Para quantificar e identificar um determinado grupo de micro-organismos faz-se necessário o uso de técnicas específicas, dadas através do método dependente de cultivo (isolamento em meio de cultura), e dos métodos independentes de cultivo (biblioteca 18S do rDNA e análise de ácidos graxos).

Alguns estudos têm avançado em pesquisas com micro-organismos através de métodos independentes de cultura, facilitando a compreensão da dinâmica populacional da microbiota no solo fornecendo mais opções e abrindo espaço para pesquisas nunca realizadas devido às limitações do método dependente de cultura (Houlton et al., 2006; Roesch et al., 2007; Levy-Booth et al., 2014).

A limitação do meio por cultivo em placas dá-se devido às condições do meio artificial não serem fiéis ao ambiente do solo, e ao fato de que algumas espécies microbianas crescerem somente sob condições fisiológicas específicas, as quais o meio de cultivo artificial não consegue reproduzir (Heuer et al., 2001).

Uma forma alternativa de avaliar os micro-organismos, superando o problema da seletividade do cultivo em placas, é através da análise de ácido graxo fosfolipídicos (Tunlid e White, 1992; Frostegard e Baath, 1996; Bossio e Scow, 1998; Zelles, 1999; Pankhurst et al., 2001), baseando-se na extração, fracionamento, metilação e cromatografia dos componentes do material a ser analisado. O que torna esse método viável é o fato de que os fosfolipídeos estão associados ao componente ativo da microbiota do solo, devido à sua presença em membranas de células vivas, podendo ser diretamente correlacionados com micro-organismos vivos, uma vez que esse fosfolipídeos se degradam quando há morte celular (Zelles, 1999). Outra característica importante é que são encontrados em grandes proporções constantes nos micro-organismos, tornando-os um biomarcador.

Há dois tipos importantes de lipídios encontrados em organismos, os fosfolipídeos (constituintes da membrana) e lipídios neutros (de armazenamento de energia em Eucariotos), ambos os tipos de lipídios contém ácidos graxos ligados a um esqueleto de glicerol, porém apenas os ácidos graxos de fosfolipídios (PLFAs) são utilizados para descrever a comunidade microbiana estrutural no solo (Olsson, 1999). Muitos estudos já utilizam dessa prática de identificação (Tabela 1).

Tabela 1. Ácidos graxos biomarcadores de micro-organismos.

Tipo de ácido graxo	Encontrado como	Origem predominante	Referências
Saturados:			
Iso/anteiso	C14, C15, C16, C17	Bactérias gram-positivas	Djukic et al., (2010), Ushio et al., (2008), Desvillettes et al., (1997), Narendrula-Kotha e Nkongolo (2017), Joergensen e Wichern (2008), Malik et al., (2016), Rinnan e Baath (2009)
Anel ciclopropílico	cy17:0, cy19:0	Bactérias gram-negativas	Djukic et al., (2010), Narendrula-Kotha e Nkongolo (2017), Rinnan e Baath (2009)
10-metil-ramificado	C16, C17, C18, C19	Actinomicetos	Djukic et al., (2010), Narendrula-Kotha e Nkongolo (2017), Joergensen e Wichern (2008)
Monoinsaturados:			
ligação dupla C5	16: 1 ω 5	Fungos micorrízicos	Djukic et al., (2010), Ushio et al., (2008), Desvillettes et al., (1997), Olsson (1999), Joergensen e Wichern (2008).
ligação dupla C7	16: 1 ω 7, 18: 1 ω 7	Bactérias generalizadas	Djukic et al., (2010), Olsson (1999), Joergensen e Wichern (2008), Joergensen e Wichern (2008).
ligação dupla C9	18:1 ω 9	Bactérias generalizadas	Ushio et al. (2008), Desvilette et al., (1997),Narendrula-Kotha e Nkongolo (2017), Joergensen e Wichern(2008), Kaiser et al., (2010)
Poliinsaturados:			
família ω 6	18: 2 ω 6,9	Fungos saprofíticos	Djukic et al., (2010), Narendrula-Kotha e Nkongolo (2017), Joergensen e Wichern (2008), Malik et al., (2016), Kaiser et al., (2010)

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Descrição da área de estudo e das espécies selecionadas

O local selecionado para o presente estudo foi o Jardim Botânico da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro devido a sua preservação de espécies arbóreas nativas da Mata Atlântica. Com uma extensão de aproximadamente 50.000 m², o jardim botânico, está situado na Rodovia BR 465, Km 7, Campus Universitário, no Município de Seropédica, no estado do Rio de Janeiro, nas coordenadas geográficas 22°45'54.6" de latitude Sul e 43°41'32.3" de longitude Oeste. De acordo com o Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), o Município de Seropédica possui um clima tropical subúmido, apresentando temperatura média anual de 22,7 °C, e precipitação média anual de 1291,7 mm. A classificação do clima é Aw, segundo Köppen.

A fim de auxiliar nas aulas e pesquisas botânicas do Instituto de Biologia da universidade, em 1980 o Jardim Botânico foi fundado na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro e, atualmente, está sob responsabilidade da Pró-reitoria de Pesquisa e Pós- Graduação, tendo a pesquisa como seu principal objetivo, visando a conservação da biodiversidade.

Para o experimento foram selecionadas duas espécies arbóreas, *Paubrasilia echinata* (pau-brasil) e *Inga laurina* (ingá), sendo utilizado como parâmetros sua frequência, localidade e /ou importância. Nessas espécies foi feita a avaliação dos principais componentes da microbiota envolvida, e a relação desta microbiota no processo de decomposição de suas respectivas serapilheiras.

Os dados meteorológicos utilizados foram temperatura (°C) e precipitação pluviométrica (mm), obtidos da estação meteorológica Ecologia Agrícola, do Município de Seropédica/ RJ, fornecidos pelo Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).

3.2 Implantação do experimento

Foram utilizadas três árvores de cada espécie, em que folhas verdes foram coletadas diretamente da copa de cada árvore com auxílio de um podão. Em seguida o material foi transferido para o Laboratório de Indicadores Edafo-Ambiental (LIEA) e seco em estufa à temperatura de 65° C por 48 h. Separou-se uma quantidade de 10 g para acondicionar em sacolas de polivinil *litter bags* com malha de 4 mm, área de 25 x 25 cm e 1,5 cm de altura. Embaixo da copa de cada árvore de cada espécie foram instaladas 15 “*litter bags*” no início de Agosto de

2016. As coletas foram realizadas nos intervalos de 0, 10, 30, 140, 240 e 365 dias, sendo retirados em cada coleta três “*litter bags*”, perfazendo três repetições por área.

Para a análise nutricional, em cada coleta, os *litter bags* foram novamente secados em estufa a 65 °C por 48 h, até atingir massa constante. Em seguida, foi feito o exame visual do conteúdo, para a retirada de partículas de terra, fungos, insetos, dentre outros. Posteriormente, o material foi pesado, quantificando-se sua massa em balança analítica com precisão de 0,01g.

Para o estudo da microbiota, em cada coleta foi retirado o material fresco dos *litter bags*, separando-os em quantidades definidas para as análises através do cultivo em placas (método dependente de cultivo) e do perfil de ácido graxo (método independente de cultivo) e, dado procedência com suas respectivas metodologias.

3.3 Decomposição da serapilheira e liberação de nutrientes

As folhas dos *litter bags*, foram trituradas e, em seguida, submetidas à digestão sulfúrica, para a quantificação dos teores de N, P, K⁺, com o objetivo de se elaborar a curva de liberação de nutrientes. A metodologia para análise de N e P baseou-se nas recomendações de Tedesco et al. (1995) e, os teores de K⁺, pelo método da Embrapa (1979). Após obter as concentrações foi calculado, para cada coleta, a taxa de liberação de cada nutriente através da expressão abaixo:

$$\text{Taxa de liberação}(\%) = \frac{\text{Concentraçãocoletaanterior} - \text{Concentraçãocoletaatual}}{\text{Concentraçãocoletaanterior}(g.Kg^{-1})} \times 100 \quad (1)$$

A taxa de decomposição foi quantificada através de medidas de perda de massa, calculando-se a diferença entre as quantidades iniciais do material original contido no *litter bag* (tempo zero = 10 g) e as que permaneceram no período de cada coleta. Mediante a esses valores, foi estimada a constante de decomposição k (Equação 1), conforme Thomas e Asakawa (1993):

$$X_t = X_0 \cdot e^{-kt} \quad (2)$$

em que, X_t = peso do material remanescente após t dias e X_0 = peso do material seco originalmente colocado nos sacos no tempo zero ($t = 0$).

O coeficiente deste modelo exponencial, bem como as curvas que caracterizam a perda de peso (decomposição) do material foliar foi produzido com o auxílio do programa

SIGMAPLOT 12.0. O tempo de meia-vida do material (Equação 2) foi estimado conforme Rezende et al. (1999).

$$t^{1/2} = \ln(2)/k \quad (3)$$

em que, k é a constante de decomposição estimada pelo software SIGMAPLOT 12.0.

3.4 Atributos químicos do solo

Retirou-se amostras de solo na área de projeção da copa das espécies selecionadas, nas profundidades de 0-5 cm com a ajuda de um trado de rosca. Sendo tomadas cinco amostras simples, gerando uma amostra composta, num total de três amostras compostas por espécie. As amostras de solo foram secas ao ar, destorroadas, peneiradas em malha de 2 mm e, caracterizadas quanto à fertilidade e granulometria segundo Embrapa (1997), em que o pH foi determinado em água; os teores de fósforo disponível, por fotolorimetria; o potássio e sódio por fotometria de chama; cálcio, magnésio, alumínio trocável, acidez extraível e carbono orgânico, por titulação.

3.5 Avaliação da microbiota

Em um ano, para cada coleta feita, foram retirados três *litter bags* de cada árvore selecionando uma quantidade de serapilheira específica (para cada método), juntando-as e fazendo uma amostra composta a qual foi submetida à identificação e avaliação de grupos de micro-organismos, através da análise por identificação de UFC (Unidade Formadora de Colônia) e através da análise de perfil de ácidos graxos, utilizando-se de ácidos graxos biomarcadores de micro-organismos.

3.5.1 Unidade formadora de Colônia

A população de cada grupo de micro-organismos foi determinada pela contagem padrão usando a técnica de Spread- Plate em meio Ágar Martin (Martin, 1950), Ágar Nutriente (ANVISA, 2004), Ágar Caseína Dextrose Amido (Kuster e Williams, 1964, Arifuzzaman et al., 2010), e Ágar Eosina Azul de Metileno (Reis Tebaldi et al., 2008), para a identificação de fungos, bactérias gram-positivas, actinomicetos, e bactérias gram-negativas, respectivamente.

Alíquotas de 5 g de serapilheira foram suspensas em 45 mL de solução NaCl 0,85%. Após forte agitação e decantação, foi transferido 0,1 mL da suspensão para tubos contendo 9 mL de água peptonada 0,1%. Utilizaram-se diluições de 10^{-6} a 10^{-10} para a quantificação de unidades formadoras de colônia. Logo após, foi retirado 0,1 mL desta solução e, realizou-se o plaqueamento em forma de gotas, com 2 repetições para cada diluição de micro-organismos.

As placas de Petri foram colocadas em estufas a 32° C por 48h para bactérias e actinomicetos e, 25° C por 5 dias para fungos (Santos-González et al., 2007). A leitura foi baseada na presença ou ausência de UFC sobre cada gota (Davet e Rouxel, 2000).

3.5.2 Perfil de ácidos graxos

A serapilheira foi seca em estufa à 35 °C até atingir peso constante. Foram selecionados 2 g de folhas. Os lipídeos microbianos foram extraídos a frio com clorofórmio através do método de Folch *et al.* (1957). O método de esterificação utilizado foi determinado por Joseph e Waksman (1992).

Os ácidos graxos foram determinados por meio de cromatógrafo de gás (Shimadzu, Tóquio, Japão), equipado por um injetor de separação (1:50) um detector de ionização de chama e uma estação de trabalho. A separação cromatográfica foi realizada em cromatógrafo de gás Shimadzu GC- 2010 Plus, equipado por uma coluna capilar de sílica fundida CP-SIL 88 100 m x 0,25 mm x 0,20mm de espessura de filme. O programa cromatográfico de temperatura foi: temperatura inicial de 100 °C/ 5min, seguido de 5 °C/ min, até 160 °C (0 min), 8 °C/min, até 230 °C/12 min; As temperaturas do injetor e do detector foram de 250 °C e 280 °C, respectivamente. Hidrogênio foi utilizado como gás transportador, com taxa de fluxo de 30mL/min. Os tempos de retenção dos padrões FAME foram utilizados para identificar os picos cromatográficos das amostras. A quantificação foi realizada por calibração externa com intervalo de concentração de 0,3 a 7 mg mL⁻¹. O biomassa microbiana foi estimada através da quantidade total de ácidos graxos (g/100g de lipídeo) extraídos. Os ácidos graxos utilizados como biomarcadores foram 14:0, 15:0, 16:0, 17:0, 18:0, 16:1, 17:1 para bactérias e, 18:2n6,9 para fungos, para a biomassa bacteriana foi feita a soma de todos os biomarcadores (Malik et al., 2016). As razões F:B (fungo/bactéria) foram calculadas usando quantidades lipídicas.

3.6 Análises estatísticas

Foi realizada a análise descritiva dos dados e a verificação da normalidade dos erros, antes da execução da análise de variância (ANOVA). Tanto a verificação da normalidade quanto a ANOVA foram executadas com o auxílio do software R versão 3.4.3. Foi utilizado a análise de correlação de Pearson e a análise de componentes principais para auxiliar na avaliação da relação entre micro-organismos, taxa de liberação de nutrientes e fatores abióticos, comparando as duas metodologias de identificação de micro-organismos, possibilitando a observação da variação multidimensional dos dados avaliados em um diagrama, colocando-os em ordem nos eixos, de acordo com suas similaridades em volta das variáveis empregadas, considerando autovetor <0,70 como de baixa associação na interpretação dos dados.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Dinâmica de perda de massa

O Pau-brasil apresentou percentual de perda de massa maior em todas as coletas em relação ao ingá. Ambas as espécies apresentaram seu ápice de perda de massa em 140 dias após a instalação do experimento, coincidindo com o período de maior precipitação pluvial (Figura 1). Costa et al. (2005) também observaram, em seus estudos com eucaliptos, uma maior perda de massa com o período de maior precipitação. Alves et al. (2006), estudando a decomposição pela técnica de colocação de *litterbags*, também verificaram que a taxa de decomposição aumentou no período de mais precipitação pluvial. Muitos estudos comprovam esse aumento de perda de massa da serapilheira através do aumento da precipitação (Wieder e Wright 1995; Austin e Vitousek 2000; Wieder et al., 2009). Isso pode acontecer devido a atividade microbiana responsável pela decomposição ser muito pequena quando expostas a períodos mais secos (Bouskill et al., 2013).

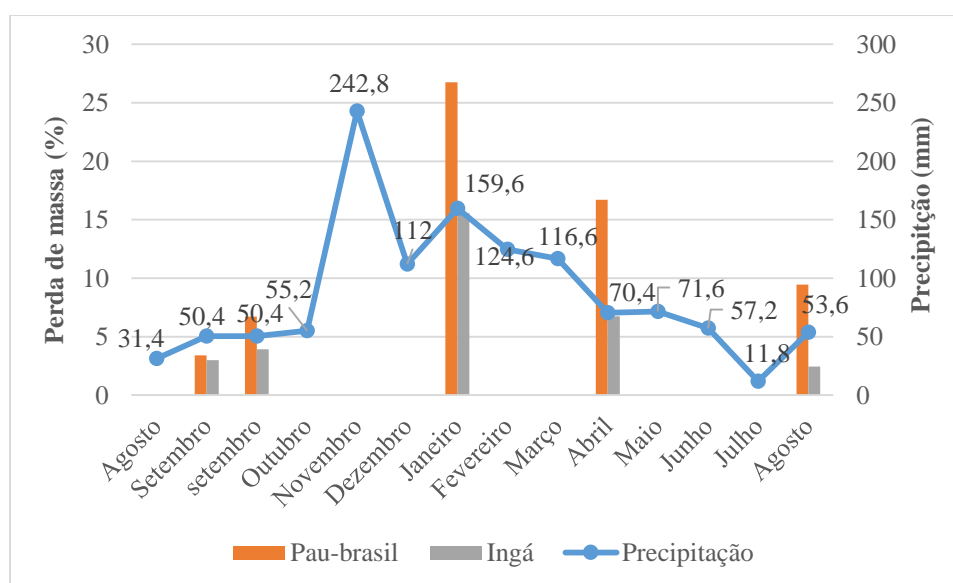


Figura 1. Correlação entre a porcentagem de perda de massa da serapilheira foliar das espécies estudadas (pau-brasil e ingá) e a precipitação ao decorrer de 365 dias.

Após o término do experimento, em 365 dias, o pau-brasil e ingá o apresentaram, respectivamente, 50,2% e 28,2% de perda de massa foliar, havendo diferença significativa entre os tratamentos (Figura 2). O ingá, por ser uma espécie que possui, em sua composição química, a presença de saponinas que, apresentam propriedades surfactantes e detergentes, podendo inibir o crescimento de determinados micro-organismos (Álvarez et al., 1998).

Dinâmica de perda de massa

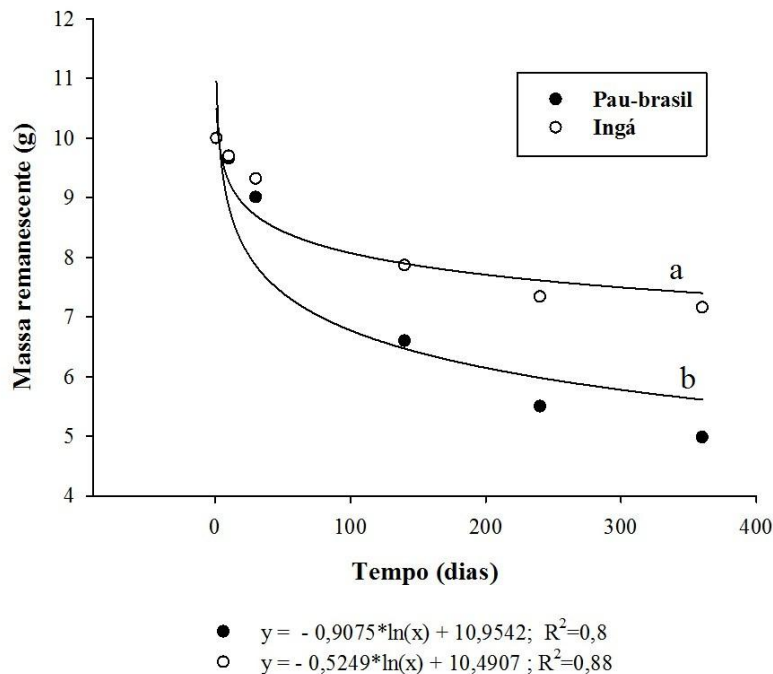


Figura 2. Curva de decomposição da serapilheira do pau-brasil e ingá. Médias seguidas por uma mesma letra minúscula, não diferem entre si, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste T.

4.2 Constante de decomposição e tempo de meia vida

O pau-brasil apresentou a maior constante de decomposição (K) havendo, assim, uma menor quantidade de dias necessários para a decomposição de sua serapilheira, estimando, aproximadamente, 363 dias para o pau-brasil alcançarem 50% de decomposição de sua serapilheira (Tabela2). Já o tempo de meia-vida do ingá ultrapassou o período do experimento, não podendo obter uma estimativa concreta da decomposição de sua serapilheira, a espécie também apresentou menor velocidade de decomposição quando comparado à outras leguminosas arbóreas estudadas por Duarte (2007).

Tabela 2. Valores da constante K e do tempo de meia-vida das espécies estudadas.

Espécies	K(g.g ⁻¹ dia)	t ^{1/2} (dias)
Pau-brasil	0,001911237	362,67
Ingá	0,000915274	-

O valor de K para o pau-brasil foi similar ao que Silva et al. (2013) encontraram em seu estudo com plantio misto de espécies nativas de povoamentos vegetais, e também no estudo em uma floresta de sucessão secundária espontânea realizado por Fernandes et al. (2006). Ambos os estudos citados retratam o ambiente ao qual as espécies pau-brasil e ingá encontravam-se, no entanto, o ingá apresentou um valor de K inferior, necessitando de mais tempo para a mineralização de seus nutrientes através da decomposição, isso pode ter ocorrido devido à essa espécie possuir lignina e polifenóis em sua composição estrutural sendo de difícil degradação e, também, por possuir uma taxa de respiração baixa (Duarte et al., 2009).

4.3 Dinâmica de liberação de nutrientes e fertilidade do solo

Comparando-se as duas espécies estudadas em relação a concentração de nitrogênio, fósforo e potássio na serapilheira foliar, o pau-brasil foi o que alcançou maiores concentrações para todos os três nutrientes e, também, alcançou uma maior média percentual de perda de tais nutrientes. O nitrogênio foi o nutriente com maior concentração encontrado na serapilheira, seguido por potássio e, por último, o fósforo que foi o nutriente com menor quantidade de massa remanescente (Figura 3).

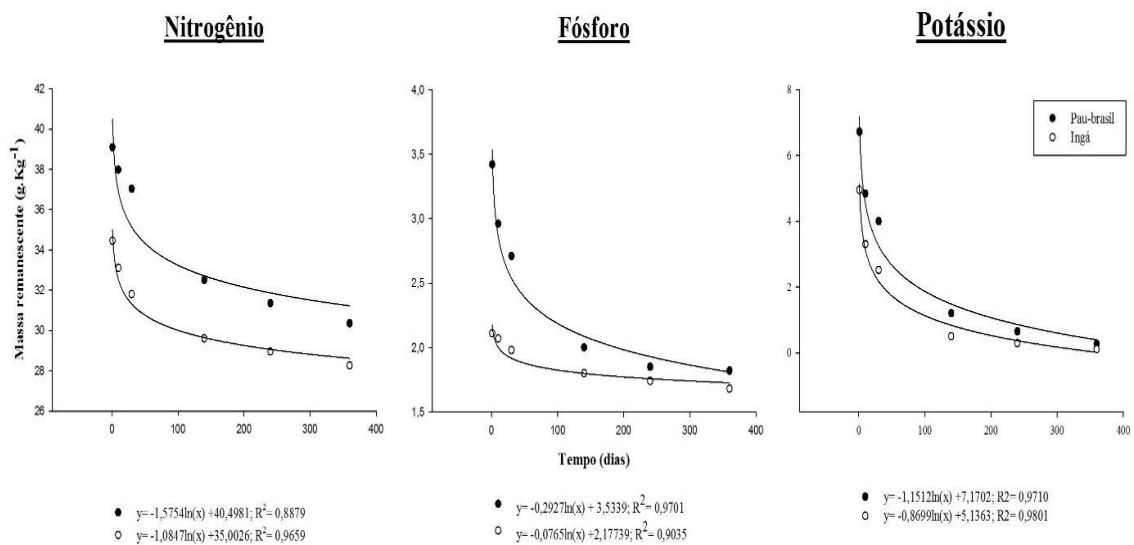


Figura 3. Curva de liberação de nutrientes da serapilheira do pau-brasil e do ingá ao decorrer de 365 dias.

Em relação ao N, P e K, a espécie mais rica foi o pau-brasil, sendo essa a espécie que também apresentou um maior decomposição da serapilheira, sustentando a hipótese de Lugo et al., (1990) em seu estudo da decomposição da serapilheira de diferentes povoamentos, mostrando que a serapilheira que apresenta maior concentração de nutrientes apresenta maior velocidade de decomposição.

A taxa de liberação do nitrogênio, do fósforo e do potássio obtiveram sua maior porcentagem em 140 dias após a implantação do experimento, coincidindo com o período de maior pluviosidade, estando em concordância com o estudo de Selle (2007).

Varsha et al. (2002), relataram, que a temperatura ideal para a solubilização do fósforo seja por volta de 28 °C, isso pode explicar, parcialmente, a maior taxa de liberação desse nutriente aos 140 dias (Figura 4).

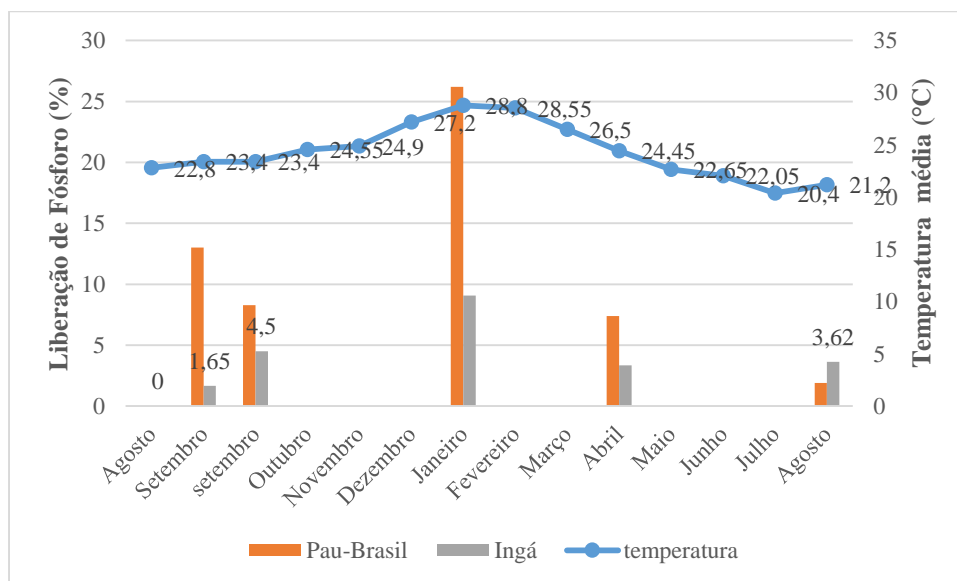


Figura 4. Correlação entre liberação de fósforo da serapilheira do pau-brasil e do ingá e temperatura ao decorrer de 365.

Com relação a perda total, foi observado que o potássio apresentou a maior porcentagem de perda com 97%, devido ao fato desse nutriente não depender da mineralização da matéria orgânica para a sua disponibilização no solo, seguido por 36,8% do fósforo e 20,18% do nitrogênio (Tabela 3). Schreeg et al. (2013), estudando a solubilidade desses nutrientes também observou essa ordem $K > P > N$. O K é o nutriente com maior taxa de liberação em todos os ecossistemas (de Andrade et al. 1999), isso acontece devido ao fato de que esse nutriente se encontra em componentes não-estruturais e na forma iônica no vacúolo das células das plantas, sendo rapidamente lixiviado, com pouca dependência à ação dos micro-organismos decompositores, ao contrário do P, que sua disponibilidade está diretamente ligada a ação decompositora dos micro-organismos (Marschner, 1997).

Tabela 3. Porcentagem de perda total de nutrientes da serapilheira das espécies estudadas ao decorrer de 365.

	Perda total (%)		
	N	P	K ⁺
Pau-brasil	22,36	53,22	96
Ingá	18	20,44	98
Média	20,18	36,8	97

Não houve diferença significativa em relação aos teores sob o pau-brasil e o ingá. O Al⁺³ apresentou valor baixo no solo do pau-brasil e médio no solo do ingá, sendo capaz de gerar influência no processo de mineralização da matéria orgânica (Tabela 4).

Tabela 4. Caracterização da fertilidade do solo na profundidade de 0-5 cm na área de projeção da copa de cada espécie estudada.

Espécie	Prof.	pH	Ca ⁺²	Mg ⁺²	Al ⁺³	K ⁺	P
	0-5 cm		-----cmol _c kg ⁻¹ -----			-----mg kg ⁻¹ -----	
Pau-brasil		4,94a	2,09a	0,76a	0,11a	85,96a	10,07a
Ingá		4,12b	1,84a	0,61a	0,53a	96,31a	14,1a

Em que: Tratam. = espécies arbóreas estudadas; Médias seguidas da mesma letra, na coluna, não diferem, entre si, pelo teste T, a 5% de significância.

O pH apresentou valores baixos de 4,94 e 4,12, para o pau-brasil e para o Ingá, respectivamente, indicando a presença de alumínio trocável, havendo diferença significativa entre os tratamentos (Tabela 4). Pau-brasil e ingá são espécies da família Fabaceae, que tem por característica possuir, na região rizosférica, micro-organismos fixadores de nitrogênio, que provocam a liberação de prótons, podendo ter facilitado a acidificação do solo (Haynes, 1983).

Tanto o solo do pau-brasil quanto do ingá apresentaram valores médios de Ca⁺², Mg⁺² e P podendo ter sofrido influência dos valores altos de K⁺ apresentados por ambas as espécies (Tabela 4). O Ca⁺² faz parte, estruturalmente, das células do tecido vegetal, portanto, só há total liberação desse nutriente após a completa decomposição da folha (Godinho et al., 2014), com isso, a espécie com maior velocidade de decomposição apresenta a maior concentração de Ca⁺² no solo (Cobo et al., 2002), esse comportamento foi observado em ambos os solos estudados,

onde, o pau-brasil apresentou uma maior velocidade de decomposição e também apresentou uma maior concentração de Ca^{+2} armazenado no solo, e o ingá por apresentar uma menor velocidade de decomposição foi observado uma menor quantidade de Ca^{+2} no solo.

4.4 Dinâmica populacional da microbiota

4.4.1 Método por cultivo em placa por e contagem de UFC

O pau-brasil e o ingá tiveram comportamentos semelhantes em relação a dinâmica populacional das bactérias, expressando seu pico de crescimento em 30 dias de decomposição, com o pau-brasil apresentando $6,5 \times 10^{10}$ UFC e $3,6 \times 10^{10}$ UFC, para gram-positivas e gram-negativas, respectivamente, e o ingá apresentando $4,23 \times 10^{10}$ UFC e $2,4 \times 10^{10}$ UFC para gram-positivas e gram-negativas, respectivamente (Figura 5). A presença de actinomicetos apenas foi observada em 30 e 140 dias. O ápice de crescimento dos fungos diferiu entre as espécies, o qual para o pau-brasil foi em 30 dias (Figura 5a), apresentando $2,91 \times 10^{10}$ UFC e, para o ingá foi em 140 dias, apresentando $2,56 \times 10^{10}$ UFC (Figura 5b).

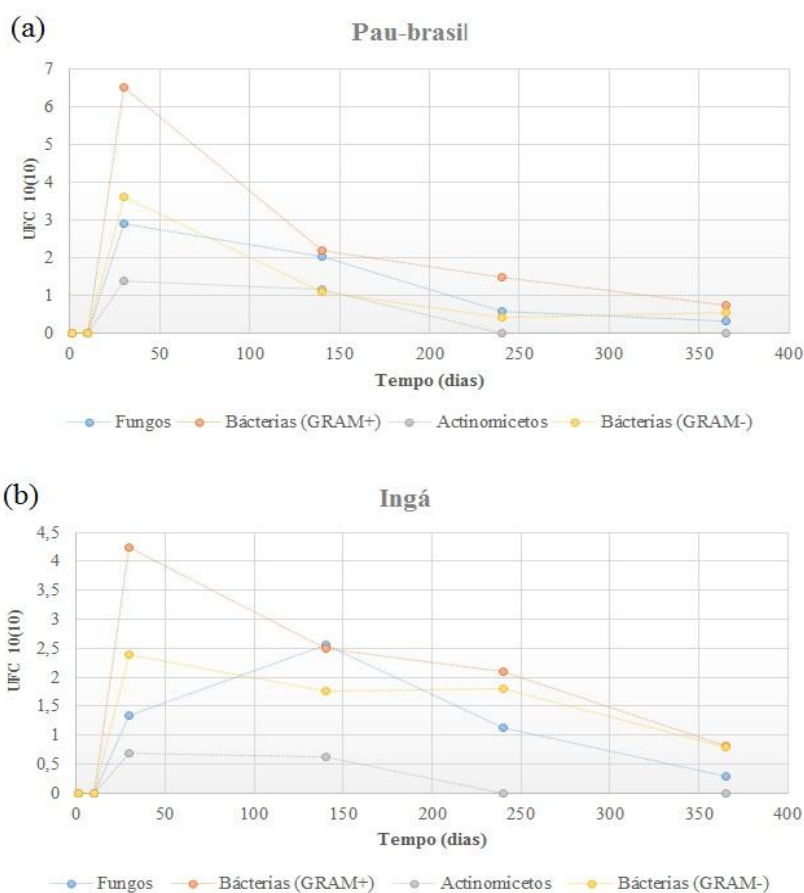


Figura 5. Dinâmica populacional dos grupos de micro-organismos da serapilheira das espécies pau brasil (a) e ingá (b) ao decorrer de 365 dias.

Os actinomicetos só apareceram na fase intermediária da decomposição. Fraga et al. (2012) conjecturam que esse grupo de micro-organismos necessita de disponibilidade rápida de nutrientes, sendo que no início da decomposição a liberação de nutrientes é de forma lenta devido à necessidade de degradação de macromoléculas complexas do tecido vegetal em decomposição e, no final da decomposição já não há tanta disponibilidade de nutrientes no material vegetal, fazendo com que esses micro-organismos não consigam competir com outras bactérias e fungos, os quais possuem estratégias especializadas tanto para degradar a matéria orgânica bruta quanto para sobreviverem em ambientes com baixa quantidade de nutrientes (Pereira et al. 1999).

Tanto o pau-brasil quanto o ingá apresentaram maior concentração de bactérias em relação ao número de fungos (Figura 6). Yang et al. (2017), analisando a microbiota de espécies da mesma família que as espécies estudadas, também observaram uma maior quantidade de bactérias comparado aos fungos, uma explicação para esse padrão estar relacionado as bactérias terem acesso ao fornecimento de nutrientes aos quais os fungos não têm.

Em 140 dias foi observada a temperatura média de 28,8 °C (Figura 6) e precipitação de 159,6 mm (Figura 7) e, segundo Moreira e Siqueira (2002), temperaturas em torno de 28 °C a 35 °C e alta umidade contribuem para o aumento das atividades da microbiota em reações químicas e físicas, isso explica o fato de mesmo a maioria dos micro-organismos terem apresentado seu ápice de crescimento em 30 dias, a taxa de decomposição de ambas as espécies ter sido maior em 140 dias.

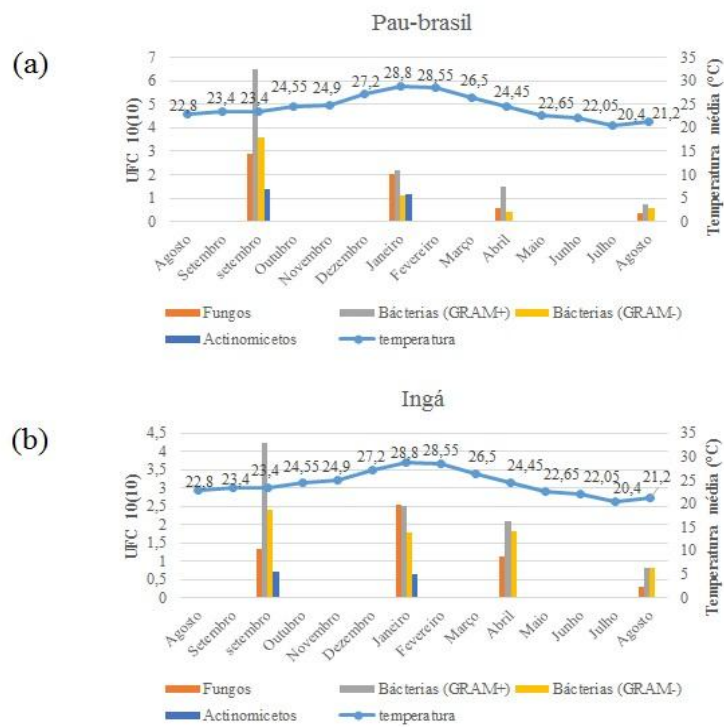


Figura 6. Correlação entre a composição da microbiota do pau-brasil (a) e do ingá (b) e a temperatura ao decorrer de 365 dias.

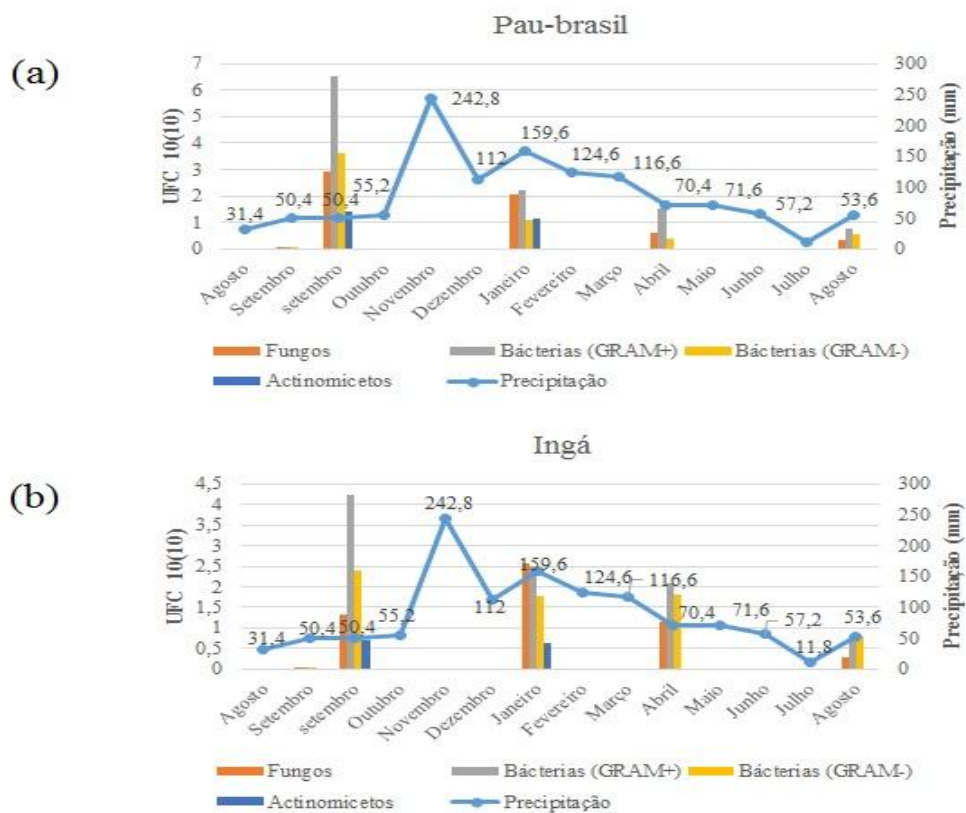


Figura 7. Correlação entre a composição da microbiota do pau-brasil (a) e do ingá (b) e a precipitação ao decorrer de 365 dias.

Os fungos encontrados no ingá apresentaram seu ápice de crescimento em 140 dias, coincidindo com o período de maior precipitação (Figura 7), estando em concordância com os resultados de (McGuire et al., 2012) evidenciando a influência da umidade do solo na composição da comunidade fúngica.

A lignina é uma substância não hidrófila, não contribuindo significativamente com a adsorção de água quando comparada à hemicelulose e celulose (Moreschi, 1975), devido ao ingá possuir alto teor de lignina em sua estrutura foliar (Duarte et al., 2009) pode ser que essa característica tenha ocasionado uma maior lentidão no processo de decomposição pelas atividades da microbiota, pois, as folhas da serapilheira dessa espécie necessitam de maior pluviosidade a fim de garantir uma umidade ideal para a atividade de micro-organismos. E, uma vez que, em ambas as espécies as condições climáticas eram as mesmas, o pau-brasil pode ter alcançado uma posição dianteira na decomposição através de uma maior quantidade de micro-organismos decompositores por ter uma estrutura foliar menos recalcitrante, estando de acordo com Lashermes et al. (2016) que dizem que a serapilheira com maior conteúdo estrutural solúvel apresenta uma maior velocidade de decomposição.

4.4.2 Método por perfil de ácidos graxos

O ácido graxo biomarcador com maior abundância foi o 16:0 em ambas as espécies em todas as coletas feitas, exceto na coleta feita em 140 dias (Figura 8). Houve maior concentração do ácido graxo 18:2 ω 6 no ingá (Figura 8b) quando comparado ao pau-brasil (Figura 8^a), podendo ser explicado pelo fato da composição vegetal dessa espécie ser rica em compostos mais recalcitrantes, e fungos são especializados nesse tipo de degradação, estando de acordo com o estudo feito por Rubino et al. (2010)

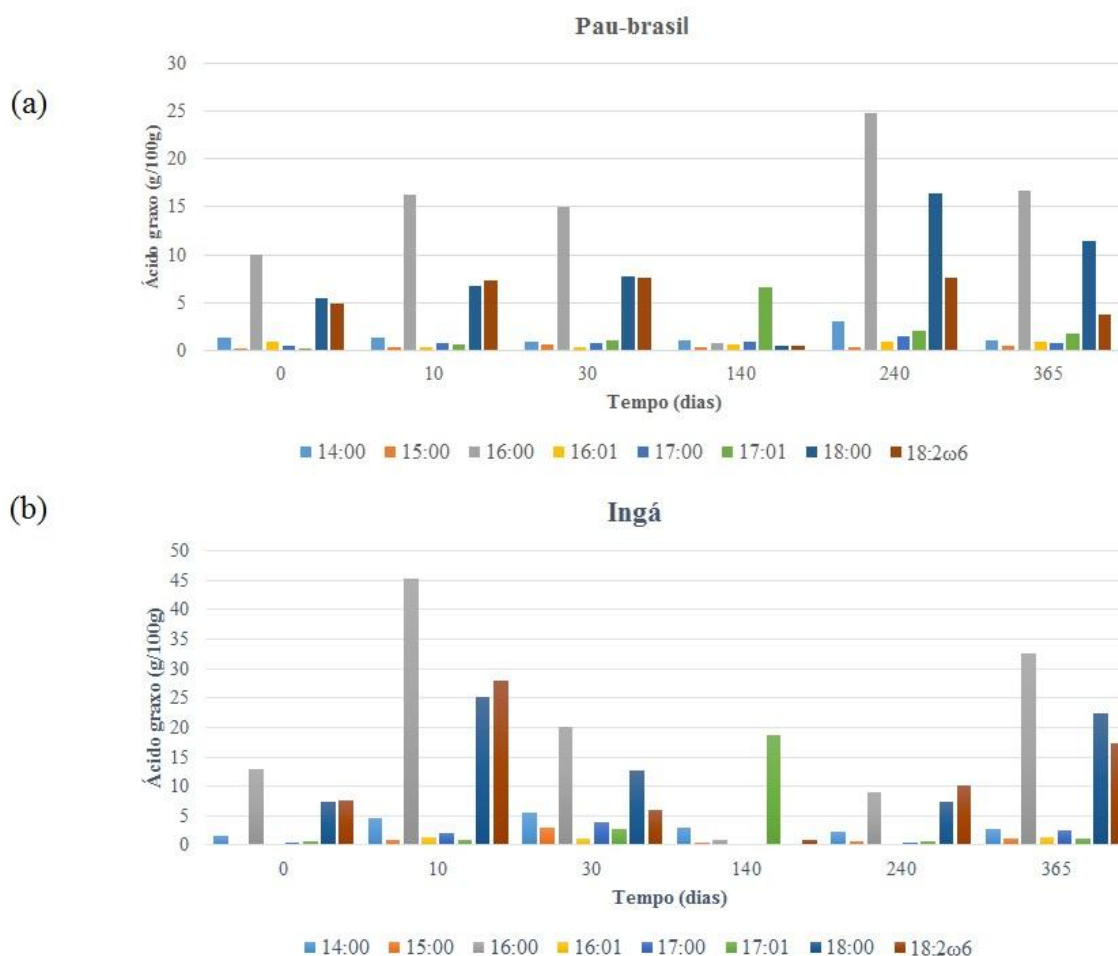


Figura 8. Ácidos graxos biomarcadores encontrados no pau-brasil (a) e ingá (b) ao decorrer de 365 dias de decomposição da serapilheira.

4.4.3 Método por perfil de ácidos graxos vs método por cultivo em placa

A Análise de Componentes Principais (ACP), para a avaliação dos micro-organismos através do método de identificação por cultivo em placa, na espécie pau-brasil, indicou a formação de dois eixos principais que juntos explicaram 91,88 % da variação dos dados (Figura 9a). O primeiro eixo explicou 59,12%, sendo que as variáveis que mais contribuíram na sua formação foram fungos, actinomicetos, N, P, temperatura e precipitação (Figura 9a; Tabela 5). O segundo eixo explicou 32,56% e as variáveis bactérias gram-positivas e bactérias gram-negativas tiveram forte contribuição na formação desse eixo (Figura 9a; Tabela 5). Para a avaliação dos micro-organismos por meio do perfil de ácidos graxos, nessa mesma espécie arbórea, os dois eixos principais formados na ACP juntos explicaram 76,8% da variação dos dados (Figura 9c). Sendo que o primeiro eixo explicou 52% com as variáveis que mais

contribuíram na sua formação foram os biomarcadores 17:1 (bactérias) e 18:2 ω 6,9 (fungos), o N, P, K e a precipitação e a temperatura (Figura 9c; Tabela 5).

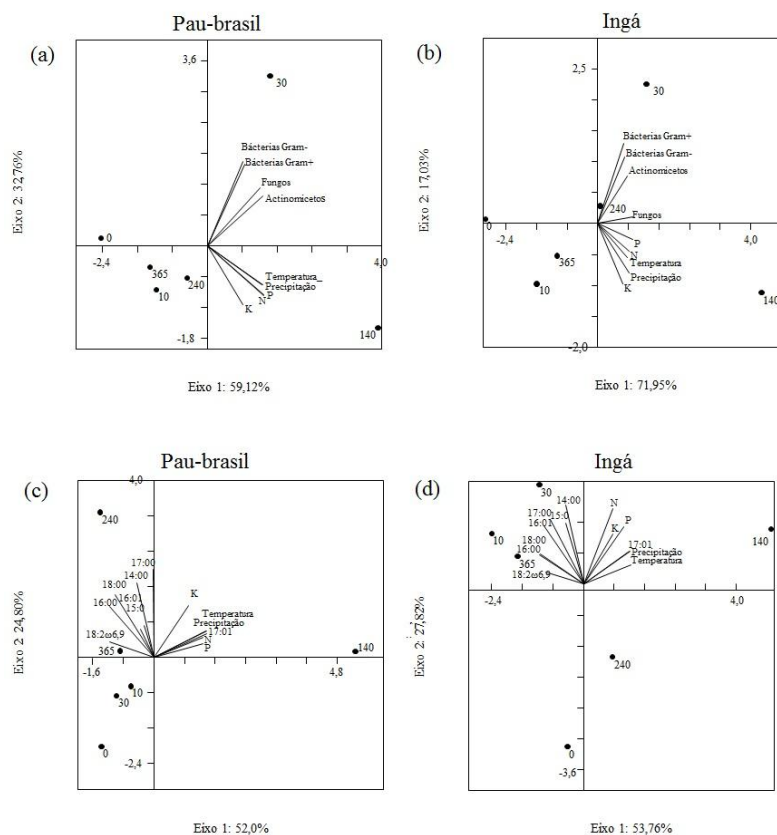


Figura 9. Análise dos componentes principais. Variáveis: micro-organismos. Através da identificação por meio do cultivo em placa (a) e por meio do perfil de ácidos graxos (b), da taxa de liberação de nutrientes (N= nitrogênio, P= fósforo, K= potássio), da precipitação e da temperatura ao decorrer de 365 dias de decomposição da serapilheira do pau-brasil e do ingá.

Para a espécie ingá, a ACP também indicou a formação de dois eixos principais que, juntos explicaram 88,98% da variação dos dados (Figura 9b). O primeiro eixo explicou 71,95%, tendo maior contribuição das variáveis fungos, actinomicetos, bactérias gram-positivas, bactérias gram-negativas, N e K (Figura 19; Tabela 5). O segundo eixo explicou 17,03% e as variáveis N e P foram as que obtiveram maior contribuição (Figura 9a, Tabela 5). Quanto a avaliação dos micro-organismos por perfil de ácidos graxos, para essa mesma espécie, foi observado que os dois eixos principais juntos explicaram 81,59% da variação dos dados (Figura 9d). O primeiro eixo explicou 53,76%, onde as variáveis que mais contribuíram foram o biomarcador 16:0, 16:1, 17:0, 17:1, 18:0 (bactérias) e 18:2 ω 6,9 (fungos) (Figura 9d; Tabela 6). Já o segundo eixo explicou 27,82% da variação dos dados e as variáveis que mais contribuíram para sua formação foram N, P e K (Figura 9d; Tabela 5).

Através do método de cultivo em placa, foi observada correlação de todos os microorganismos (bactérias, fungos e actinomicetos) com os 30 dias de decomposição da serapilheira de ambas as espécies (Figura 9a; Figura 9b), com exceção dos fungos no ingá que, apresentaram correlação com os 240 dias de decomposição (Figura 9b). Já, através do perfil de ácidos graxos, observou-se correlação dos biomarcadores de bactérias e de fungos com o período compreendido entre 240 e 365 dias de decomposição para o pau-brasil (Figura 9c), no entanto, os biomarcadores encontrados na serapilheira do ingá estiveram correlacionados com três épocas diferentes de decomposição, sendo elas, 10, 30 e 365 dias (Figura 9d). O que se ressalta, é o fato de que, em ambas as espécies arbóreas, o 17:1, que é um dos biomarcadores de bactérias, foi o único ácido graxo que apresentou correlação com os 140 dias de decomposição (Figura 9c; Figura 9d).

Tabela 5. Coeficientes de correlação entre as variáveis avaliadas e os eixos da análise de componente principais para a metodologia por cultivo em placa.

Variáveis	Pau-Brasil		Ingá	
	Unidade formadora de colônias			
	Eixo 1	Eixo 2	Eixo 1	Eixo 2
Fungos	0,82	0,57	0,94	0,29
Actinomicetos	0,86	0,48	0,70	0,62
Bactérias gram +	0,58	0,80	0,76	0,33
Bactérias gram -	0,55	0,83	0,86	0,14
N	0,87	-0,47	-0,71	0,70
P	0,86	-0,37	-0,66	0,74
K	0,58	-0,57	-0,77	0,62
Temperatura	0,84	-0,38	0,41	0,41
Precipitação	0,87	0,48	0,12	0,12

Tabela 6. Coeficientes de correlação entre as variáveis avaliadas e os eixos da análise de componente principais para a metodologia de perfil de ácidos graxos

Variáveis	Pau-Brasil		Ingá	
	Perfil de ácidos graxos			
	Eixo 1	Eixo 2	Eixo 1	Eixo 2
14:0	-0,07	0,74	0,53	0,30
15:0	-0,05	0,53	0,46	0,42
16:0	0,41	0,90	0,90	0,12
16:1	-0,20	0,42	0,86	0,46
17:0	-0,39	0,73	0,75	0,44
17:1	-0,95	-0,27	-0,77	0,19
18:0	0,20	0,98	0,90	0,23
18:2 ω 6,9	0,73	0,52	0,76	0,06
N	0,76	-0,57	0,37	-0,87
P	0,79	-0,56	0,40	-0,80
K	0,78	-0,56	0,40	-0,88
Temperatura	-0,74	-0,39	-0,82	0,04
Precipitação	-0,92	-0,30	-0,81	0,34

Pela análise de correlação de Pearson, foram observadas, para ambas as espécies, correlações da taxa de liberação do nitrogênio com a precipitação (pau-brasil: $r=0,99$, $p=0,0001$; ingá: $r=0,83$, $p=0,04$) e da taxa de liberação do fósforo com a precipitação (pau-brasil: $r=0,90$, $p=0,01$; ingá: $r=0,92$, $p=0,01$) e, apenas no pau-brasil foi observado correlação da taxa de liberação do nitrogênio com a temperatura ($r=0,88$, $p=0,02$) e da taxa de liberação do fósforo com a temperatura ($r=0,91$, $p=0,01$). Quanto ao método de cultivo em placa, pau-brasil e ingá tiveram comportamentos semelhantes ao auge populacional das bactérias em 30 dias de coleta, tanto para gram-negativas quanto para gram-positivas, e para actinomicetos, onde foram observados seus maiores crescimentos populacional no período compreendido entre 30 e 140 dias, não possuindo correlação de nenhum desses grupos de micro-organismos com as taxas de liberação dos nutrientes e com os fatores abióticos. Em relação ao ápice de crescimento de fungos, houve dissimilaridade entre as espécies arbóreas, o qual para o pau-brasil foi em 30 dias e, para o ingá foi em 140 dias, tendo esta última espécie apresentado correlação de fungos

com a taxa de liberação do fósforo ($r=0,93$, $p=0,006$), temperatura ($r=0,86$, $p=0,02$) e precipitação ($r=0,86$, $p=0,02$)

Já pelo método de identificação de micro-organismos por perfil de ácidos graxos, não houve correlação entre o biomarcador de fungos e a taxa de liberação de fósforo. Tanto pau-brasil quanto ingá apresentou, em 140 dias, maior concentração do ácido graxo biomarcador de bactéria 17:1, sendo correlacionado com a taxa de liberação do nitrogênio (pau-brasil $r=0,98$, $p=0,0003$; ingá $r=0,81$, $p=0,04$) e do fósforo (pau-brasil $r=0,84$, $p=0,03$; ingá $r=0,88$, $p=0,02$) e, também, com a temperatura (pau-brasil: $r=0,88$, $p=0,02$; ingá: $r=0,90$, $p=0,01$) e a precipitação (pau-brasil: $r=0,99$, $p=0,0001$; ingá: $r=0,96$, $p=0,003$), em ambas as espécies. Os outros ácidos graxos se concentraram entre o período de 240 e 365 dias, não possuindo correlação significativa entre as taxas de liberação dos nutrientes e os fatores abióticos estudados.

A degradação dos polímeros vegetais ocorrem através das atividades da microbiota em reações químicas e físicas por intermédio de ações enzimáticas, a qual, segundo Moreira e Siqueira (2002) há maior eficiência catalítica através de temperatura e umidade mais elevada. Este padrão pode explicar o fato da maior taxa de liberação do nitrogênio e do fósforo estar correlacionada com a precipitação em ambas serapilheiras das espécies arbóreas estudadas, e a temperatura apenas na serapilheira do pau-brasil. A correlação da taxa de liberação do fósforo com a temperatura, na espécie pau-brasil, está em concordância com o estudo feito por Narsian e Patel (2010), que relata que a temperatura ideal para a solubilização do fósforo gira em torno de 28 °C, coincidindo com a temperatura a qual foi correlacionada a maior taxa de liberação do nutriente, no presente estudo.

Como já mencionado, o ingá é rico em lignina e polifenóis em sua estrutura foliar, essa característica pode interferir na velocidade de decomposição das folhas e, conseqüentemente, influenciar na taxa de liberação dos nutrientes (DUARTE *et al.*, 2009). Fungos têm como uma das principais funções, a degradação de lignina (AUER *et al.* 2014), esse grupo de micro-organismos são chamados de oligotróficos, pois mineralizam de forma lenta e eficiente as fontes de carbono recalcitrantes (KORANDA *et al.* 2014), e também são responsáveis pela solubilização do fósforo (SHARMA *et al.* 2013), pois produzem enzimas chamadas fosfatases (YAN, 2014). Essa relação entre fungos e fósforo pode explicar as correlações encontradas no ingá, pressupondo que haja a necessidade de grupos mais especializados de micro-organismos de modo a romper essas camadas menos solúveis. Com isso, a junção de elementos favoráveis tais como alta precipitação e temperatura ideal, aliado a maior quantidade de fungos específicos à solubilização do fósforo gerou uma taxa de liberação desse nutriente no mesmo momento do

ápice da taxa de liberação para o mesmo nutriente no pau-brasil, que por ter sua estrutura menos recalcitrante esperava-se que a velocidade da taxa de liberação de nutrientes fosse maior. Esse resultado corrobora o estudo de McGuire *et al.* (2012), que também observaram uma correlação positiva entre a riqueza de fungos e o aumento da precipitação em um estudo da comunidade microbiana fúngica em uma Floresta Tropical.

O mesmo padrão pôde-se observar na correlação significativa do biomarcador 17:1, que foi o único ácido graxo, dentre os avaliados, associado a taxa de liberação de nitrogênio e fósforo em ambas as espécies arbóreas. Este fato pode ter ocorrido devido a esse ácido graxo ser um biomarcador de bactérias gram-positivas (NARENDRULA-KOTHA e NKONGOLO, 2017), e também por essas bactérias estarem associadas à mineralização de substratos mais complexos (WHITAKER *et al.*, 2014), se encaixando no grupo de micro-organismos oligotróficos, assim como os fungos (KORANDA *et al.*, 2014). Logo, tendo as condições ideais de precipitação e temperatura agindo em conjunto com essas bactérias gram-positivas, houve maior taxa de liberação de nitrogênio e fósforo, em virtude da quebra da camada mais recalcitrante por esse grupo de micro-organismos. Provavelmente esse biomarcador 17:1 deva ser de um grupo específico de bactérias gram-positivas as quais, por motivo de seletividade, o método por cultivo em placa não foi capaz de detectar a presença.

Em relação aos fungos do ingá, supostamente, a maioria dos fungos responsáveis pela taxa de liberação do fósforo não possuem o ácido graxo 18:2 ω 6,9 como um potencial biomarcador, uma vez que não foi observada correlação positiva entre fungos e taxa de liberação de fósforo, não só pelo método de cultivo em placa, mas também pelo método por perfil de ácidos graxos.

5 Conclusões

A serapilheira, de ambas as espécies alcançou sua maior porcentagem no período de maior precipitação, havendo diferença significativa na decomposição entre as duas espécies, ao final de 365 dias de decomposição, ao qual o pau-brasil apresentou maior velocidade de decomposição, maiores concentrações de nutrientes e, conseqüentemente, maior taxa de liberação dos mesmos, também coincidindo com o período de maior precipitação.

Houve correlação das taxas de liberação dos nutrientes, juntamente com a temperatura e a precipitação, com o período de 140 dias de decomposição da serapilheira, e a maioria dos grupos de micro-organismos identificados pela técnica de cultivo em placa apresentam correlação com período de 30 dias de decomposição da serapilheira, de ambas as espécies arbóreas.

A taxa de liberação de N e P foram positivamente associadas à precipitação em ambas as espécies.

O ingá apresentou correlação da taxa de liberação do P associada a três variáveis (fungos, temperatura e precipitação), porém, não obtem a mesma correlação com o biomarcador de fungos, quando analisado pelo método de perfil de ácidos graxos.

O ácido graxo 17:1 é o único biomarcador associado a taxa de liberação de nitrogênio e fósforo.

As metodologias utilizadas apresentam comportamentos complementares em suas informações.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADUAN, R. E.; VILELA, M. de F.; KLINK, C. A. **Ciclagem de carbono em ecossistemas terrestres: o caso do Cerrado brasileiro.** *Planaltina*, DF: Embrapa Cerrados, 2003.

ALEXANDER, M. **Introducción a la microbiología del suelo.** México, DF, México: AGT editor, p. 491, 1981.

ALEXANDER, M. **Introduction to soil microbiology.** New York: J. Wiley, p. 467, 1977.

ALLISON, S. D.; Lu, Y.; WHEIHE, C.; GOULDEN, M. L.; MARTINY, A.C.; TRESEDER, K.K.; MARTINY, J. B. **Microbial abundance and composition influence litter decomposition response to environmental change.** *Ecology*, v. 94, n. 3, p. 714-725, 2013.

ÁLVAREZ, J. C.; SERRANO, R. P; OSPINA, L. F.; LÓPEZ, L. A. A. **Actividad biológica de las saponinas de la corteza de *Inga marginata* Willde.** *Revista Colombiana de Ciências Químico-Farmacéuticas*, v. 27, n. 1, p. 17-19, 1998.

AMIR, S.; ABOUELWafa, R.; MEDDICH, A.; SOUABI, S.; WINTERTON, P.; MERLINA, G.; REVEL, J.; PINELLI, E.; HAFIDI, M. **PLFAs of the microbial communities in composting mixtures of agro-industry sludge with different proportions of household waste.** *International Biodeterioration and Biodegradation*, v. 64, n. 7, p. 614-621, 2010.

ANDERSON, J. M.; SWIFT, J. S. I. **Decomposition in tropical forest.** In: SUTTON, S. L. (eds.) *Tropical rain forest: ecology and management.* London: Blackwell Scientific, p. 287-309, 1983.

ANVISA, Brasília; 2004. **Descrição dos meios de cultura empregados nos exames microbiológicos.** Disponível em: http://www.anvisa.gov.br/servicosaude/microbiologia/mod_4_2004.pdf. Acesso em: Setembro. 2016

ARAÚJO, T.M.; CARVALHO Jr., J.A.; HIGUCHI, N.; BRASIL, Jr., A.C.P.; MESQUITA, A.L.A. **A tropical rainforest clearing experiment by biomass burning in the State of Pará, Brazil.** *Atmospheric Environment*, v. 33, n. 13, p. 1991-1998, 1999.

ARIFUZZAMAN, M.; KHATUN, M.R.; RAHMAN, H. **Isolation and screening of actinomycetes from Sundarbans soil for antibacterial activity.** *African Journal of Biotechnology*, v. 9, n.29, p. 4615-4619, 2010.

AUER, C. G.; AMARO, T.; PIMENTEL, I. C.; ROCIO, P. **Atividades degradativas de celulose e de fenóis por fungos isolados de acículas de *Pinus taeda*.** *Floresta*, v. 44, n. 2, p. 179-184, 2014

AUSTIN, A. T.; VITOUSEK, P. M. **Precipitation, decomposition and litter decomposability of *Metrosideros polymorpha* in native forests on Hawaii.** *Journal of Ecology*, v. 88, n. 1, p. 129-138, 2000.

BARBOSA, J. H.C.; de FARIA, S. M. **Aporte de serrapilheira ao solo em estágios sucessionais florestais na reserva biológica de Poço das Antas, Rio de Janeiro, Brasil.** *Rodriguésia*, p. 461-476, 2006.

BARNARD, R. L.; OSBORNE, C. A.; FIRESTONE, M. K. **Responses of soil bacterial and fungal communities to extreme desiccation and rewetting.** *The ISME journal*, v. 7, n. 11, p. 2229, 2013.

BASSO, T. P.; GALLO, C. R.; BASSO, L. C. **Atividade celulolítica de fungos isolados de bagaço de cana-de-açúcar e madeira em decomposição.** *Pesquisa agropecuária brasileira*, v. 45, n. 11, p. 1282-1289, 2011.

BERG, B. **Litter decomposition and organic matter turnover in northern forest soils.** *Forest ecology and Management*, v. 133, n. 1-2, p. 13-22, 2000.

BERG, B.; MC CLOUGHERTY, C. **Plant litter: Decomposition, humus formation, carbon sequestration.** *Springer*, Berlin, p. 53-83, 2008.

BERG, G.; SMALLA, K. **Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere.** *FEMS microbiology ecology*, v. 68, n. 1, p. 1-13, 2009.

BERLEMONT, R.; ALISSON, S. D.; WEHE, C.; LU, Y.; BRODIE, E. L.; MARTINY, J. B.; MARTINY, A. C. **Cellulolytic potential under environmental changes in microbial communities from grassland litter.** *Frontiers in microbiology*, v. 5, p. 639, 2014.

BERLEMONT, R.; MARTINY, A. C. **Phylogenetic distribution of potential cellulases in bacteria.** *Applied and environmental microbiology*, p. AEM. 03305-12, 2012.

BHATTACHARYYA, P. N.; JHA, D. K. **Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR): emergence in agriculture.** *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 28, n. 4, p. 1327-1350, 2012.

BIANCHIN, J. E.; MARQUES, R.; BRITZ, R.M.; CAPRETZ, R. L. **Deposição de fitomassa em formações secundárias na Floresta Atlântica do Paraná.** *Floresta e Ambiente*, v. 23, n. 4, p. 524-533, 2016.

BISHOP, A.; FIELDING, S.; DYSON, P.; HERRON, P. **Systematic insertional mutagenesis of a streptomycete genome: a link between osmoadaptation and antibiotic production.** *Genome research*, v. 14, n. 5, p. 893-900, 2004.

BLAGODATSKAYA, E.; KUZYAKOV, Y. **Mechanisms of real and apparent priming effects and their dependence on soil microbial biomass and community structure: critical review.** *Biology and Fertility of Soils*, v. 45, n. 2, p. 115-131, 2008.

BORGES, A. V. P. **Estoque de serapilheira em uma área de restauração florestal no litoral do Paraná.** 2016.

BOSSIO, D. A.; SCOW, K. M. **Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns.** *Microbial ecology*, v. 35, n. 3-4, p. 265-278, 1998.

BOUSKILL, N. J.; LIM, H. C.; BORGLIN, S.; SALVE, R.; WOOD, T. E.; SILVER, W. L.; BRODIE, E. L. **Pre-exposure to drought increases the resistance of tropical forest soil bacterial communities to extended drought.** *The ISME journal*, v. 7, n. 2, p. 384, 2013.

BOUSKILL, N. J.; WOOD, T. E.; BARAN, R.; YE, Z., BOWEN, B. P.; LIM, H.; ZHOU, J.; NOSTRAND, J.; NICO, P.; NORTHERN, SILVER, W. L.; BRODIE, E. **Belowground response to drought in a tropical forest soil. I. Changes in microbial functional potential and metabolism.** *Frontiers in microbiology*, v. 7, p. 525, 2016.

CAIRNEY, J.W. G; MEHARG, A. A. **Interactions between ectomycorrhizal fungi and soil saprotrophs: implications for decomposition of organic matter in soils and degradation of**

organic pollutants in the rhizosphere. *Canadian Journal of Botany*, v. 80, n. 8, p. 803-809, 2002

CALVI, G. P.; PEREIRA, M. G.; JÚNIOR, A. **Produção de serapilheira e aporte de nutrientes em áreas de Floresta Atlântica em Santa Maria de Jetibá, ES.** *Ciência Florestal*, v. 19, n. 2, p. 131-138, 2009.

CEBRIAN, J. **Patterns in the fate of production in plant communities.** *The American Naturalist*, v. 154, n. 4, p. 449-468, 1999.

CHAN, E. C. S.; KRIEG, N. R.; PELCZAR JÚNIOR, M. J. **Microbiologia: conceitos e aplicações.** 1996.

CHAZDON, R. L. **Tropical forest recovery: legacies of human impact and natural disturbances.** *Perspectives in Plant Ecology, evolution and systematics*, v. 6, n. 1-2, p. 51-71, 2003.

COBO, J.; BARRIOS, E.; KASS, D. C; THOMAS, R. **Nitrogen mineralization and crop uptake from surface-applied leaves of green manure species on a tropical volcanic-ash soil.** *Biology and fertility of soils*, v. 36, n. 2, p. 87-92, 2002.

COOK, E. R.; WOODHOUSE, C. A.; EAKIN, C. M.; MEKO, D. M.; STAHLER, D. W. **Long-term aridity changes in the western United States.** *Science*, v. 306, n. 5698, p. 1015-1018, 2004.

COSTA, G. S.; GAMA-RODRIGUES, A. D.; CUNHA, G. D. M. **Decomposição e liberação de nutrientes da serapilheira foliar em povoamentos de *Eucalyptus grandis* no norte fluminense.** *Revista Árvore*, v. 29, n. 4, p. 563-570, 2005.

COSTA, U. O. **Efeitos da precipitação e da exposição à radiação solar na decomposição da serrapilheira em um ecossistema no semiárido brasileiro.** 2016.

COURTY, P. E.; BUÉE, M.; DIEHIOU, A. G.; FREY-KLETT, P.; LE TACON, F.; RINEAU, F.; TURPAULT, S. U.; UROZ, S. GARBAYE, J. **The role of ectomycorrhizal communities in forest ecosystem processes: new perspectives and emerging concepts.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 42, n. 5, p. 679-698, 2010.

CRAINE, J. M.; MORROW, C.; FIERER, N. **Microbial nitrogen limitation increases decomposition.** *Ecology*, v. 88, n. 8, p. 2105-2113, 2007.

CROWTHER, T. W.; MAYNARD, D. S.; LEFF, J. W.; OLDFIELD, E. E.; MC CULLEY, R. L.; FIERER, N.; BRADFORD, M. A. **Predicting the responsiveness of soil biodiversity to deforestation: a cross-biome study.** *Global change biology*, v. 20, n. 9, p. 2983-2994, 2014.

DAVET, P.; ROUXEL, F. **Detecting and isolating soil fungi.** *Institut National de la Recherche Agronomique (INRA)*, 1997.

DE ANDRADE, A. G.; CABALLERO, S. S. U.; DE FARIA, S. M. **Ciclagem de nutrientes em ecossistemas florestais.** *Embrapa Solos-Documentos (INFOTECA-E)*, 1999.

DESVILLETES, C. H.; BOURDIER, G.; AMBLARD, C. H.; BARTH, B. **Use of fatty acids for the assessment of zooplankton grazing on bacteria, protozoans and microalgae.** *Freshwater Biology*, v. 38, n. 3, p. 629-637, 1997.

DJUKIC, I.; ZEHETNER, F.; MENTLER, A.; GERZABEK, M. H. **Microbial community composition and activity in different Alpine vegetation zones.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 42, n. 2, p. 155-161, 2010.

DUARTE, E. M.; CARDOSO, I. M.; MENDONÇA, M. A.; STIJNEN, T. **Pesquisadores e agricultores investigam a ciclagem de nutrientes de árvores da Mata Atlântica.** *Cadernos de Agroecologia*, v. 4, n. 1, 2009.

EHRlich, H. L. **Geomicrobiology: relative roles of bacteria and fungi as geomicrobial agents.** *Fungi in biogeochemical cycles*, p. 1-27, 2006.

EL ZAHAR HAICHAR, F.; ACHOUAK, W.; CHRISTEN, R.; HEULIN, T.; MAROL, C.; MARAIS, M. F.; MOUGEL, C.; RANJARD, L.; BALESSENT, J.; BERGE, O. **Identification of cellulolytic bacteria in soil by stable isotope probing.** *Environmental Microbiology*, v. 9, n. 3, p. 625-634, 2007.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Manual de métodos de análise de solo.** 2nd ed. Rio de Janeiro, Embrapa, 212 p., 1997.

EMBRAPA. **Métodos de análises de solos.** Rio de Janeiro: SNLCS, Embrapa. s.n.p., 1979

FASIM, F.; AHMED, N.; PARSONS, R.; GADD, G. M. **Solubilization of zinc salts by a bacterium isolated from the air environment of a tannery.** *FEMS microbiology letters*, v. 213, n. 1, p. 1-6, 2002.

FENN, M. E.; ALLEN, E. B.; WEISS, S. B.; JOVAN, S.; GEISER, L. H.; TONNESEN, G. S.; JOHNSON, L. E.; RAO, B. S.; GIMENO, F.; YUAN, T.; MEIXNER, T. **Nitrogen critical loads and management alternatives for N-impacted ecosystems in California.** *Journal of Environmental Management*, v. 91, n. 12, p. 2404-2423, 2010.

FERNANDES, M. M.; PEREIRA, M. G.; MAGALHÃES, L. M. S.; CRUZ, A. R.; GIÁCOMO, R. G. **Aporte e decomposição de serapilheira em áreas de floresta secundária, plantio de sabiá (*Mimosa caesalpiniaefolia* Benth.) e andiroba (*Carapa guianensis* Aubl.) na Flona Mário Xavier, RJ.** *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 16, n. 2, p. 163-175, jul/dez. 2006.

FIERER, N.; JACKSON, R. B. **The diversity and biogeography of soil bacterial communities.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 103, n. 3, p. 626-631, 2006.

FIERER, N.; STRICKLAND, M. S.; LIPTZIN, D.; BRADFORD, M. A.; CLEVELAND, C. C. **Global patterns in belowground communities.** *Ecology letters*, v. 12, n. 11, p. 1238-1249, 2009.

FILKER, S.; SOMMARUGA, R.; VILA, I.; STOECK, T. **Microbial eukaryote plankton communities of high-mountain lakes from three continents exhibit strong biogeographic patterns.** *Molecular ecology*, v. 25, n. 10, p. 2286-2301, 2016.

FOLCH, J.; LEES, M.; SLOANE, S. G. H. **A simple method for the isolation and purification of total lipids from animal tissues.** *J Biol Chem*, v. 226, n. 1, p. 497-509, 1957.

FONTAINE, S.; MARIOTTI, A.; ABBADIE, L. **The priming effect of organic matter: a question of microbial competition.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 35, n. 6, p. 837-843, 2003.

FRAGA, M. E.; BRAZ, D. M.; ROCHA, J. F.; PEREIRA, M. G.; FIGUEIREDO, D. V. **Interação microrganismo, solo e flora como condutores da diversidade na Mata Atlântica** **Interaction of microorganisms, soil and flora as drivers of diversity in the Atlantic Forest.** *Acta botanica brasílica*, v. 26, n. 4, p. 857-865, 2012.

FRAGA, M. E.; PEREIRA, M. G. **Diversidade de Trichocomaceae isolada de solo e serrapilheira de Floresta Atlântica.** *Floresta e Ambiente*, v. 19, n. 4, p. 405-413, 2012.

FREY, S. D.; LEE, J.; MELILLO, J. M.; SIX, J. **The temperature response of soil microbial efficiency and its feedback to climate.** *Nature Climate Change*, v. 3, n. 4, p. 395, 2013.

FROSTEGÅRD, Å.; BÅÅTH, E. **The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil.** *Biology and Fertility of Soils*, v. 22, n. 1-2, p. 59-65, 1996.

FROUFE, L.; FRANCO, A.; FARIA, S. D.; CAMPELLO, E. **Produção de serrapilheira e ciclagem de nitrogênio, fósforo e potássio em plantios puros e consorciados de *Eucalyptus grandis* e *Albizia guachapele*.** Simpósio Nacional de Recuperação de Áreas Degradadas–SINRAD, III, p. 205-214, 1997.

GALLARDO, A.; MERINO, A.J. **Leaf decomposition in two Mediterranean ecosystems Southwest Spain: influence of substrate quality.** *Ecology*, v.74, n. 1, p.152-161, 1993.

GAMA-RODRIGUES, A. D.; SANTOS, M. L.; BARROS, N. F. **Decomposição e liberação de nutrientes do folheto de espécies florestais nativas em plantios puros e mistos no sudeste da Bahia.** *Revista brasileira de ciência do solo*, v. 27, n. 6, p. 1021-1031, 2003.

GHOSH, U. K.; PRASAD, B. **Optimization of carbon, nitrogen sources and temperature for hyper growth of antibiotic producing strain *Streptomyces kanamyceticus* MTCC 324.** *Bioscan*, v. 5, n.1, p. 157-158, 2010.

GOLDFARB, K. C.; KARAOZ, U.; HANSON, C. A.; SANTEE, C. A., BRADFORD, M. A., TRESEDER, K. K.; WALLENSTEIN, M. D.; BRODIES, E. L. **Differential growth responses of soil bacterial taxa to carbon substrates of varying chemical recalcitrance.** *Frontiers in microbiology*, v. 2, p. 94, 2011.

GOLDSTEIN, A. H. **Bioprocessing of rock phosphate ore: essential technical considerations for the development of a successful commercial technology.** *Proceedings of the 4th International Fertilizer Association Technical Conference, IFA, Paris.* 2000.

GRACE, J. MALHI, Y.; HIGUCHI, N.; MEIR, P. **Productivity of tropical rain forests.** *Terrestrial global productivity*, p. 401-426, 2001.

GUYONNET, J. P.; VAUTRIN, F.; MEIFFREN, G.; LABOIS, C.; CANTAREL, A. A., MICHALET, S.; COMTE, G.; HAICHAR, F. E. Z. **The effects of plant nutritional strategy on soil microbial denitrification activity through rhizosphere primary metabolites.** *FEMS microbiology ecology*, v. 93, n. 4, 2017.

HAYATSU, M.; TAGO, K.; SAITO, M. **Various players in the nitrogen cycle: diversity and functions of the microorganisms involved in nitrification and denitrification.** *Soil Science and Plant Nutrition*, v. 54, n. 1, p. 33-45, 2008.

HAYNES, R. J. **Soil acidification induced by leguminous crops.** *Grass and Forage Science*, v. 38, n. 1, p. 1-11, 1983.

HEAL, O. W. **Plant litter quality and decomposition: an historical overview.** *Driven by nature, plant litter quality and decomposition*, 1997.

HELFRICH, M.; LUDWING, B.; THOMS, C.; GLEIXNER, G., FLESSA, H. **The role of soil fungi and bacteria in plant litter decomposition and macroaggregate formation determined using phospholipid fatty acids.** *Applied Soil Ecology*, v. 96, p. 261-264, 2015.

HEUER, H.; WIELAND, G.; SCHONFELD, J.; SCHONWALDER, A.; GOMES, N. C. M.; SMALLA, K. **Bacterial community profiling using DGGE or TGGE analysis.** *Environmental molecular microbiology: protocols and applications*, v. 9, p. 177-190, 2001.

HIRAISHI, A.; KISHIMOTO, N.; KOSAKO, Y.; WAKAO, N.; TANO, T. **Phylogenetic position of the menaquinone-containing acidophilic chemo-organotroph *Acidobacterium capsulatum*.** *FEMS microbiology letters*, v. 132, n. 1-2, p. 91-94, 1995.

HOBBIE, S. E. **Nitrogen effects on decomposition: A five-year experiment in eight temperate sites.** *Ecology*, v. 89, n. 9, p. 2633-2644, 2008.

HOULTON, B. Z.; SIGMAN, D. M.; HEDIN, L. O. **Isotopic evidence for large gaseous nitrogen losses from tropical rainforests.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 103, n. 23, p. 8745-8750, 2006.

JOERGENSEN, R. G.; WICHERN, F. **Quantitative assessment of the fungal contribution to microbial tissue in soil.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 40, n. 12, p. 2977-2991, 2008.

JOHRI, J. K.; SURANGE, S.; NAUTIYAL, C. S. **Occurrence of salt, pH, and temperature-tolerant, phosphate-solubilizing bacteria in alkaline soils.** *Current Microbiology*, v. 39, n. 2, p. 89-93, 1999.

JOLY, C. A.; LEITÃO-FILHO, H. de F.; SILVA, S. M. **O patrimônio florístico.** *Camara, IG Mata Atlântica. São Paulo: Fundação SOS Mata Atlântica*, p. 9-128, 1991.

KAISER, C.; FRANK, A.; WILD, B.; KORANDA, M.; RICHTER, A. **Negligible contribution from roots to soil-borne phospholipid fatty acid fungal biomarkers 18: 2 ω 6, 9 and 18: 1 ω 9.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 42, n. 9, p. 1650-1652, 2010.

KANG, S. C.; HA, C. G., LEE, T. G.; MAHESHWARI, D. K. **Solubilization of insoluble inorganic phosphates by a soil-inhabiting fungus *Fomitopsis* sp. PS 102.** *Current science*, p. 439-442, 2002.

KHAN, M.; ZAIDI, A.; AHMED, M.; OVES, M.; WANI, P.A.; **Plant growth promotion by phosphate solubilizing fungi—current perspective.** *Archives of Agronomy and Soil Science*, v. 56, n. 1, p. 73-98, 2010.

KIELAK, A. M.; SCHEUBLIN, T. R.; MENDES, L. W.; VAN VEEN, J. A.; KURAMAE, E. E. **Bacterial community succession in pine-wood decomposition.** *Frontiers in microbiology*, v. 7, p. 231, 2016.

KLEBER, M.; EUSTERHUES, K.; KEILUWEIT, M.; MIKUTTA, C.; MIKUTTA, R.; NICO, P. S. **Mineral–organic associations: formation, properties, and relevance in soil environments.** *Advances in agronomy*. Academic Press, v. 130, p. 1-140, 2015.

KORANDA, M.; KAISER, C.; FUCHSLUEGER, L.; KITZLER, B.; SESSITSCH, A.; ZECHMEISTER-BOLTENSTERN, S.; RICHTER, A. **Fungal and bacterial utilization of organic substrates depends on substrate complexity and N availability.** *FEMS microbiology ecology*, v. 87, n. 1, p. 142-152, 2014.

KUSTER, E.; WILLIAMS, S.T. **Selective media for the isolation of *Streptomyces*.** *Nature*, v. 202, p. 928-929, 1964

- LALOR, B. M.; COOKSON, W. R.; MURPHY, D. V. **Comparison of two methods that assess soil community level physiological profiles in a forest ecosystem.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 39, n. 2, p. 454-462, 2007.
- LANZÉN, A.; EPELDE, L.; GARBISU, C.; ANZA, M.; MARTÍN-SANCHÉZ, I.; BLANCO, F.; MIJANGOS, I. **The community structures of prokaryotes and fungi in mountain pasture soils are highly correlated and primarily influenced by pH.** *Frontiers in microbiology*, v. 6, p. 1321, 2015.
- LASHERMES, G.; GAINVORS-CLAISSE, A.; RECOUS, S.; BERTRAND, I. **Enzymatic strategies and carbon use efficiency of a litter-decomposing fungus grown on maize leaves, stems, and roots.** *Frontiers in microbiology*, v. 7, p. 1315, 2016.
- LAUBER, C. L.; STRICKLAND, M. S.; BRADFORD, M. A., FIERER, N. **The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 40, n. 9, p. 2407-2415, 2008.
- LEJON, D.P.; CHAUSSOD, R.; RANGER, J.; RANJARD, L. **Microbial community structure and density under different tree species in an acid forest soil (Morvan, France).** *Microbiology Ecology*, 50:614-625, 2005.
- LEKHA, A.; GUPTA, S. R. **Decomposition of Populus and Leucaena leaf litter in an agroforestry system.** *International Journal of Ecology and Environmental Sciences*, v. 15, n. 2, p. 97-108, 1989.
- LEVY-BOOTH, D. J.; PRESCOTT, C. E.; GRAYSTON, S. J. **Microbial functional genes involved in nitrogen fixation, nitrification and denitrification in forest ecosystems.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 75, p. 11-25, 2014.
- LIMA, H. C.; GUEDES-BRUNI, R. R. **Diversidade de plantas vasculares na Reserva Ecológica de Macaé de Cima.** *Serra de Macaé de Cima: Diversidade Florística e Conservação em Mata Atlântica. Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro*, p. 29-39, 1997.
- LUGO, A.E.; CUEVAS, E.; SANCHEZ, M.J. **Nutrients and mass in litter and soil of ten tropical tree plantations.** *Plant and Soil*, v. 125, p.263-280, 1990.

LUNDQUIST, E. J.; JACKSON, L. E.; SCOW, K. M.; HSU, C. **Changes in microbial biomass and community composition, and soil carbon and nitrogen pools after incorporation of rye into three California agricultural soils.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 31, n. 2, p. 221-236, 1999.

MALIK, A. A.; CHOWDHURY, S.; SCHLAGER, V.; OLIVER, A.; PUISSANT, J.; VAZQUEZ, P. G.; JEHLICH, N.; BERGEN, M.; GRIFFITHS, R.; GLEIXNER, G. **Soil fungal: bacterial ratios are linked to altered carbon cycling.** *Frontiers in microbiology*, v. 7, p. 1247, 2016.

MANZONI, S.; SCHAEFFER, S. M.; KATUL, G.; PORPORATO, A.; SCHIMEL, J. P. **A theoretical analysis of microbial eco-physiological and diffusion limitations to carbon cycling in drying soils.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 73, p. 69-83, 2014.

MANZONI, S.; TAYLOR, P.; RICHTER, A.; PORPORATO, A.; AGREN, G. I. **Environmental and stoichiometric controls on microbial carbon-use efficiency in soils.** *New Phytologist*, v. 196, n. 1, p. 79-91, 2012.

MARGULIS, L.; CHAPMAN, M. J. **Chapter four—kingdom fungi.** *Kingdoms and Domains*, p. 379-409, 2009.

MARON, P.; MOUGEL, C.; RANJARD, L. **Soil microbial diversity: methodological strategy, spatial overview and functional interest.** *Comptes rendus biologiques*, v. 334, n. 5-6, p. 403-411, 2011.

MARSCHNER, H. **Functions of mineral nutrients, macronutrients.** *Mineral nutrition of higher plants*, 1997.

MARTIN, J. P. **Use of acid, rose bengal and streptomycin in the plater method for estimating soil fungi.** *Soil Science*, v. 69, p. 215- 232, 1950.

MAYFIELD, C. I.; WILLIAMS, S. T.; RUDDICK, S. M.; HATFIELD, H. L. **Studies on the ecology of actinomycetes in soil IV. Observations on the form and growth of streptomycetes in soil.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 4, n. 1, p. 79-91, 1972.

MCGILL, B. J.; ETIENNE, R. S.; GRAY, J. S.; ALONSO, D.; ANDERSON, M. J.; BENECHA, H. K.; HURLBERT, A. H. **Species abundance distributions: moving beyond**

single prediction theories to integration within an ecological framework. *Ecology letters*, v. 10, n. 10, p. 995-1015, 2007.

MCGILL, B. J.; MAURER, B. A.; WEISER, M. D. **Empirical evaluation of neutral theory.** *Ecology*, v. 87, n. 6, p. 1411-1423, 2006.

MCGUIRE, K. L.; FIERE, N.; BATEMAN, C.; TRESEDER, K. K.; TURNER, B.L. **Fungal community composition in neotropical rain forests: the influence of tree diversity and precipitation.** *Microbial ecology*, v. 63, n. 4, p. 804-812, 2012.

MOORHEAD, D. L.; SINSABAUGH, R. L. **A theoretical model of litter decay and microbial interaction.** *Ecological Monographs*, v. 76, n. 2, p. 151-174, 2006.

MORA-GÓMEZ, J.; ELOSEGI, A.; DUARTE, S.; CÁSSIO, F.; PASCOAL, C. ROMANÍ, A. M. **Differences in the sensitivity of fungi and bacteria to season and invertebrates affect leaf litter decomposition in a Mediterranean stream.** *FEMS microbiology ecology*, v. 92, n. 8, p. 121, 2016.

MOREIRA, F. M. S.; SIQUEIRA, J. O. **Transformações bioquímicas e ciclos dos elementos do solo.** *Microbiologia e bioquímica do solo.* Editora UFLA, Lavras. 2002.

MORESCHI, J. C. **Relação água madeira e sua secagem.** Curitiba: UFPR, Curso de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, Setor de Ciências Agrárias, 1975.

MUELLER, R. C.; BELNAP, J.; KUSKE, C. R. **Soil bacterial and fungal community responses to nitrogen addition across soil depth and microhabitat in an arid shrubland.** *Frontiers in microbiology*, v. 6, p. 891, 2015.

NAHAS, E. **Microrganismos do solo produtores de fosfatases em diferentes sistemas agrícolas.** *Bragantia*, p. 267-275, 2002.

NANNIPIERI, P.; ASCHER, J.; CECCHERINI, M.T.; LANDI, L.; PIETRAMELLARA, G.; RENELLAG. **Microbial diversity and soil functions.** *European Journal of Soil Science*, v. 68, n. 1, p. 12-26, 2017.

NARENDRULA-KOTHA, R.; NKONGOLO, K. K. **Microbial response to soil liming of damaged ecosystems revealed by pyrosequencing and phospholipid fatty acid analyses.** *PloS one*, v. 12, n. 1, p. e0168497, 2017.

NIE, M.; MENG, H.; LI, K.; WAN, J. R., QUAN, Z. X.; FANG, C.M.; CHEN, J. K.; LI, B. **Comparison of bacterial and fungal communities between natural and planted pine forests in subtropical China.** *Current microbiology*, v. 64, n. 1, p. 34-42, 2012

OLSSON, P. A. **Signature fatty acids provide tools for determination of the distribution and interactions of mycorrhizal fungi in soil.** *FEMS Microbiology Ecology*, v. 29, n. 4, p. 303-310, 1999.

O'TOOLE, G. A.; STEWART, P. S. **Biofilms strike back.** *Nature biotechnology*, v. 23, n. 11, p. 1378, 2005.

PAJARES, S.; BOHANNAN, B. J. M. **Ecology of nitrogen fixing, nitrifying, and denitrifying microorganisms in tropical forest soils.** *Frontiers in microbiology*, v. 7, p. 1045, 2016.

PAN, Y.; BIRDSEY, R. A.; FANG, J.; HOUGHTON, R.; KAUPPI, P. E.; KURZ, W. A.; PHILLIPS, O. L.; SHVIDENKO, S. L. L.; LEWIS, S. L.; CANADELL, J. G.; CIAIS, P.; JACKSON, R. B.; PACALA, S.; MCGUIRE, A. D.; PIAO, S.; RAUTIAINEM, S. T.; SITCH, S.; HAYES, D. **A large and persistent carbon sink in the world's forests.** *Science*, p. 1201609, 2011.

PANKHURST, C. E.; YU, S.; HAWKE, B. G.; HARCH, B. D. **Capacity of fatty acid profiles and substrate utilization patterns to describe differences in soil microbial communities associated with increased salinity or alkalinity at three locations in South Australia.** *Biology and Fertility of Soils*, v. 33, n. 3, p. 204-217, 2001.

PARKIN, T. B.; DORAN, J. W.; FRANCO-VIZCAINO, E. **Field and laboratory tests of soil respiration.** *Methods for assessing soil quality/editors, John W. Doran and Alice J. Jones; editorial committee, Richard P. Dick.[et al.]; editor-in-chief SSSA, Jerry M. Bigham; managing editor, David M. Kral; associate editor, Marian K. Viney*, 1996.

PAUL, E. A.; CLARK, F. E. **Dynamics of residue decomposition and soil organic matter turnover.** *Soil Microbiology and Biochemistry. 2nd ed. San Diego: Academic.* p. 158-179, 1996

PEIXOTO, A. L. **Vegetação da costa atlântica.** *S. Monteiro and L. Kaz (coords.) Floresta Atlântica. Rio de Janeiro: Livroarte Editora*, p. 33-42, 1992.

- PENNANEN, T.; FRITZE, H.; VANHALA, P.; KIIKKILA, O.; NEUVONEN, S.; BAATH, E. **Structure of a microbial community in soil after prolonged addition of low levels of simulated acid rain.** *Applied and Environmental Microbiology*, v. 64, n. 6, p. 2173-2180, 1998.
- PEREIRA, J. C.; NEVES, M. C. P.; DROZDOWICZ, A. **Dinâmica das populações bacterianas em solos de cerrados.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 34, n. 5, p. 801-811, 1999.
- PHILIPPOT, L.; SPOR, A.; HÉNAULT, C.; BRU, D.; BIZOUARD, F.; JONES, C. M.; **Loss in microbial diversity affects nitrogen cycling in soil.** *The ISME journal*, v. 7, n. 8, p. 1609, 2013.
- RAICH, J. W.; RUSSEL, A. E.; KITAYAMA, K.; PARTON, W. J.; VITOUSEK, P. M. **Temperature influences carbon accumulation in moist tropical forests.** *Ecology*, v. 87, n. 1, p. 76-87, 2006.
- REIS, V. M.; COUTINHO, T. L.; ANDRADE, C.; HILSDORF, P. R. **Isolamento de coliformes, estafilococos e enterococos de leite cru provenientes de tanques de refrigeração por expansão comunitários: identificação, ação lipolítica e proteolítica.** *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, v. 28, n. 3, 2008.
- REZENDE, C. D. P.; CANTARUTTI, R. B.; BRAGA, J. M.; GOMIDE, J. A.; PEREIRA, J. M.; FERREIRA, E.; TARRÉ, R.; MACEDO, R.; ALVES, B. J. R.; URQUIAGA, S.; CADISCH, G.; GILLER, K. E.; BODDEY, R. M. **Litter deposition and disappearance in *Brachiaria pastures* in the Atlantic forest region of the South of Bahia, Brazil.** *Nutrient cycling in Agroecosystems*, v. 54, n. 2, p. 99-112, 1999.
- RIBEIRO, M.C.; METZGER, J. P.; MARTENSEN, A. C.; PONZONI, F. J.; HIROTA, M. M. **The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation.** *Biological conservation*, v. 142, n. 6, p. 1141-1153, 2009.
- RINNAN, R.; BÅÅTH, E. **Differential utilization of carbon substrates by bacteria and fungi in tundra soil.** *Applied and environmental microbiology*, v. 75, n. 11, p. 3611-3620, 2009.

RODRÍGUEZ-ITURBE, I.; PORPORATO, A. **Ecohydrology of water-controlled ecosystems: soil moisture and plant dynamics.** *Cambridge University Press*, 2007.

ROESCH, L. F. W., FULTHORPE, R. R.; RIVA, A., CASELLA, G.; HADWIN, A. K.; KENT, A. D.; DAROUB, S. H.; CAMARGO, F. A. O.; FARMERI, W. G.; TRIPLETT, E. W. **Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity.** *The ISME journal*, v. 1, n. 4, p. 283, 2007.

ROITMAN, I.; TRAVASSOS, L. R.; AZEVEDO, J. L. **Tratado de Microbiologia.** *São Paulo: Editora Manole*, v. 2. 126 p, 1991.

ROMANÍ, A. M.; FISHER, H.; MILLE-LINDBLOM, C.; TRANVIK, L. J. **Interactions of bacteria and fungi on decomposing litter: differential extracellular enzyme activities.** *Ecology*, v. 87, n. 10, p. 2559-2569, 2006.

ROUSK, J.; BAATH, E.; BROOKES, P. C.; LAUBER, C. L.; LOZUPONE, C.; CAPORASO, J. G.; **Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil.** *The ISME journal*, v. 4, n. 10, p. 1340, 2010.

RUBINO, M.; DUNGAIT, J. A. J.; EVERSLED, R. P.; BERTOLINI, T.; DE ANGELIS, P.; D'ONOFRIO, A.; LAGOMARSINO, A.; LUBRITTO, C.; MEROLA, A.; TERRASI, F.; COTRUFO, M. F. **Carbon input belowground is the major C flux contributing to leaf litter mass loss: Evidences from a ¹³C labelled-leaf litter experiment.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 42, n. 7, p. 1009-1016, 2010.

SALES, T. D. M. **Diversidade de bactérias de solo em clareiras e floresta nativa provenientes de áreas de terra firme alteradas pela exploração de petróleo.** *Seminário de iniciação científica da embrapa amazônia oriental*, v. 12, 2008.

SANTANA, J. A. D. S.; **Estrutura fitossociológica, produção de serapilheira e ciclagem de nutrientes em uma área de Caatinga no Seridó do Rio Grande do Norte.** 2005.

SANTOS-GONZÁLEZ, J. C.; FINLAY, R. D.; TEHLER, A. **Seasonal dynamics of arbuscular mycorrhizal fungal communities in roots in a seminatural grassland.** *Applied and Environmental Microbiology*, v. 73, n. 17, p. 5613-5623, 2007.

- SARIYILDIZ, T.; ANDERSON, J. M. **Interactions between litter quality, decomposition and soil fertility: a laboratory study.** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 35, n. 3, p. 391-399, 2003.
- SAYER, E. J.; HEARD, M. S.; GRANT, H. K.; MARTHEWS, T. R. TANNER, E. V. **Soil carbon release enhanced by increased tropical forest litterfall.** *Nature Climate Change*, v. 1, n. 6, p. 304, 2011.
- SCHELLENBERGER, S.; KOLB, S.; DRAKE, H. L. **Metabolic responses of novel cellulolytic and saccharolytic agricultural soil bacteria to oxygen.** *Environmental microbiology*, v. 12, n. 4, p. 845-861, 2010.
- SCHERLACH, K.; GRAUPNER, K.; HERTWECK, C. **Molecular bacteria-fungi interactions: effects on environment, food, and medicine.** *Annual review of microbiology*, v. 67, p. 375-397, 2013.
- SCHIMEL, J.; BALSER, T. C.; WALLENSTEIN, M. **Microbial stress-response physiology and its implications for ecosystem function.** *Ecology*, v. 88, n. 6, p. 1386-1394, 2007.
- SCHIMEL, J.; SCHAEFFER, S. M. **Microbial control over carbon cycling in soil.** *Frontiers in microbiology*, v. 3, p. 348, 2012.
- SCHNEIDER, T.; KEIBLINGER, K. M.; SCHIMID, E.; STERFLINGER-GLEIXNER, K. ELLERSDORFER, G.; ROSCHITZKI, B.; RICHTER, A.; EBERL, L.; ZECHMEISTER-BOLTENSTERN, S.; RIEDEL, K. **Who is who in litter decomposition? Metaproteomics reveals major microbial players and their biogeochemical functions.** *The ISME journal*, v. 6, n. 9, p. 1749, 2012.
- SCHREEG, L. A.; MACK, M. C.; TURNER, B. L. **Nutrient-specific solubility patterns of leaf litter across 41 lowland tropical woody species.** *Ecology*, v. 94, n. 1, p. 94-105, 2013.
- SCHWEITZER, J. A.; BAILEY, J. K.; FISCHER, D. G.; LE ROY, C. J.; LONSDORF, E. V.; WHITHAM, T. G.; HART, S. C. **Plant-soil-microorganism interactions: heritable relationship between plant genotype and associated soil microorganisms.** *Ecology*, v. 89, n. 3, p. 773-781, 2008.

SELLE, G. L. **Ciclagem de nutrientes em ecossistemas florestais.** *Bioscience Journal*, v. 23, n. 4, 2007.

SHARMA, S. B.; SAYYED, R. Z.; TRIVEDI, M. H.; GOBI, T. A. **Phosphate solubilizing microbes: sustainable approach for managing phosphorus deficiency in agricultural soils.** *SpringerPlus*, v. 2, n. 1, p. 587, 2013.

SHARMA, S. C. D.; SHOVON, M. S.; JAHAN, M. S.; ASADUZZAMAN, A. K. M.; RAHMAN, M. A.; BISWAS, K. K.; ABE, N.; ROY, N. **Antibacterial and cytotoxic activity of *Bacillus methylotrophicus*-SCS2012 isolated from soil.** *The Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*, v. 2, n. 4, p. 2293, 2013.

SHARMA, S. K.; RAMESH, A.; SHARMA, M. P.; JOSHI, O. P.; GOVAERTS, B.; STEENWERTH, K. L.; KARLEN, D. L. **Microbial community structure and diversity as indicators for evaluating soil quality.** *Biodiversity, biofuels, agroforestry and conservation agriculture*. Springer, Dordrecht, p. 317-358, 2010.

SHOUN, H.; KIM, D. H.; UCHIYAMA, H.; SUGIYAMA, J. **Denitrification by fungi.** *FEMS Microbiology Letters*, v. 94, n. 3, p. 277-281, 1992.

SILVA, A.C.S.; CHAGAS JUNIOR, A.F.; OLIVEIRA, L.A.; CHAGAS, L.F.B. **Ocorrência de bactérias solubilizadoras de fosfato nas raízes de plantas de importância econômica em Manaus e Rio Preto da Eva, Amazonas.** *Journal of Biotechnology and Biodiversity*, v. 2, n.1, p. 37-42, 2011.

SILVA, H. F.; BARRETO, P. A. B.; DE OLIVEIRA, G.T. **Decomposição da Serapilheira Foliar de Três Diferentes Povoamentos Florestais no Sudoeste da Bahia,** 2013.

SINGH, B. K.; BARDGETT, R. D.; SMITH, P.; REAY, D. S. **Microorganisms and climate change: terrestrial feedbacks and mitigation options.** *Nature Reviews Microbiology*, v. 8, n. 11, p. 779, 2010.

SINSABAUGH, R. L.; CARREIRO, M. M.; REPERT, D. A. **Allocation of extracellular enzymatic activity in relation to litter composition, N deposition, and mass loss.** *Biogeochemistry*, v. 60, n. 1, p. 1-24, 2002.

STEHMANN, J. R. **Plantas da floresta Atlântica**. Rio de Janeiro: Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2009.

SUN, R.; LI, W.; DONG, W.; TIAN, Y.; HU, C; LIU, B. **Tillage changes vertical distribution of soil bacterial and fungal communities**. *Frontiers in Microbiology*, v. 9, p. 699, 2018.

SZOBOSZLAY, M.; WHITE-MONSANT, A.; MOE, L. A. **The effect of root exudate 7, 4'-dihydroxyflavone and naringenin on soil bacterial community structure**. *PloSone*, v. 11, n. 1, p. e0146555, 2016.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 3.ed. Porto Alegre: Artmed. 719p, 2004.

TAUK, S. M. **Biodegradação de resíduos orgânicos no solo**. *Revista Brasileira de Geociências*, v. 20, n. 1-4, p. 299-301, 2018.

TEDESCO, M. J.; GIANELOO, C.; BISSANI, C. A.; BOHNEN, H.; VOLKWEISS, S. J. **Análises de solo, plantas e outros materiais**. Porto Alegre: Ufrgs, 1995.

THOMAS, R. J.; ASAKAWA, N. M. **Decomposition of leaf litter from tropical forage grasses and legumes**. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 25, n. 10, p. 1351-1361, 1993.

TUNLID, A. **Biochemical analysis of biomass, community structure, nutritional status and metabolic activity of microbial communities in soil**. *Soil biochemistry*, v. 7, p. 229-262, 1992.

ULRICH, A.; KLIMKE, G.; WIRTH, S. **Diversity and activity of cellulose-decomposing bacteria, isolated from a sandy and a loamy soil after long-term manure application**. *Microbial ecology*, v. 55, n. 3, p. 512-522, 2008.

URIARTE, M.; TURNER, B. L.; THOMPSON, J.; ZIMMERMAN, J. K. **Linking spatial patterns of leaf litterfall and soil nutrients in a tropical forest: a neighborhood approach**. *Ecological Applications*, v. 25, n. 7, p. 2022-2034, 2015.

USHIO, M.; WAGAI, R.; BALSER, T. C.; KITAYAMA, K. **Variations in the soil microbial community composition of a tropical montane forest ecosystem: does tree species matter?** *Soil Biology and Biochemistry*, v. 40, n. 10, p. 2699-2702, 2008.

VAN DER WAL, A.; GEYDAN, T. D.; KUYPER, T. W.; DE BOER, W.A **thready affair: linking fungal diversity and community dynamics to terrestrial decomposition processes.** *FEMS Microbiology Reviews*, v. 37, n. 4, p. 477-494, 2013.

VARSHA, N. H. H. *Aspergillus aculeatus* as a rock phosphate solubilizer. *Soil Biology Biochemistry*. 32, 559–565, 2002.

VOS, M.; WOLF, A. B.; JENNINGS, S. J.; KOWALCHUK, G. A.. **Micro-scale determinants of bacterial diversity in soil.** *FEMS microbiology reviews*, v. 37, n. 6, p. 936-954, 2013.

WAKSMAN, S. A. **Soil microbiology.** John Wiley And Sons Inc.; New York, 1952.

WALDROP, M. P.; FIRESTONE, M. K. **Microbial community utilization of recalcitrant and simple carbon compounds: impact of oak-woodland plant communities.** *Oecologia*, v. 138, n. 2, p. 275-284, 2004.

WARING, B. G.; AVERILL, C.; HAWKES, C. V. **Differences in fungal and bacterial physiology alter soil carbon and nitrogen cycling: insights from meta-analysis and theoretical models.** *Ecology letters*, v. 16, n. 7, p. 887-894, 2013.

WARING, B. G.; WEINTRAUB, S. R.; SINSABAUGH, R. L. **Ecoenzymatic stoichiometry of microbial nutrient acquisition in tropical soils.** *Biogeochemistry*, v. 117, n. 1, p. 101-113, 2014.

WEBER, C. F.; VILGALYS, R.; KUSKE, C. R. **Changes in fungal community composition in response to elevated atmospheric CO₂ and nitrogen fertilization varies with soil horizon.** *Frontiers in microbiology*, v. 4, p. 78, 2013.

WHITAKER, J.; OSTLE, N.; MSNAMARA, N. P.; NOTTINGHAM, A. T.; STOTT, A. W.; BARGETT, R. D.; SALINAS, N.; CCAHUANA, A. J. Q.; MEIR, P. **Microbial carbon mineralization in tropical lowland and montane forest soils of Peru.** *Frontiers in microbiology*, v. 5, p. 720, 2014.

WHITAKER, J.; OSTLE, N.; NOTTINGHAM, A. T.; CCAHUANA, A.; SALINAS, N.; BARDGETT, R. D.; MEIR, P.; MCNAMARA, N. P. **Microbial community composition explains soil respiration responses to changing carbon inputs along an Andes-to-A mazon elevation gradient.** *Journal of Ecology*, v. 102, n. 4, p. 1058-1071, 2014.

WHITE, C.; SAYER, J. A.; GADD, G. M. **Microbial solubilization and immobilization of toxic metals: key biogeochemical processes for treatment of contamination.** *FEMS microbiology reviews*, v. 20, n. 3-4, p. 503-516, 1997.

WICKINGS, K.; GRANDY, A. S.; REED, S. C.; CLEVELAND, C. C. **The origin of litter chemical complexity during decomposition.** *Ecology letters*, v. 15, n. 10, p. 1180-1188, 2012.

WIEDER, R. K.; WRIGHT, S. J. **Tropical forest litter dynamics and dry season irrigation on Barro Colorado Island, Panama.** *Ecology*, v. 76, n. 6, p. 1971-1979, 1995.

WIEDER, W. R.; BONAN, G. B.; ALLISON, S. D. **Global soil carbon projections are improved by modelling microbial processes.** *Nature Climate Change*, v. 3, n. 10, p. 909, 2013.

WIEDER, W. R.; CLEVELAND, C. C.; TOWNSEND, A. R. **Controls over leaf litter decomposition in wet tropical forests.** *Ecology*, v. 90, n. 12, p. 3333-3341, 2009.

XU, S.; LIU, L. L.; SAYER, E. J. **Variability of above-ground litter inputs alters soil physicochemical and biological processes: a meta-analysis of litterfall-manipulation experiments.** *Biogeosciences*, v. 10, n. 11, p. 7423-7433, 2013.

YANG, J.K.; ZHANG, J.J.; YU, H.Y.; CHENG, J.W.; MIAO, L.H. **Community composition and cellulase activity of cellulolytic bacteria from forest soils planted with broad-leaved deciduous and evergreen trees.** *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 98, n.3, p.1149-1458, 2014.

YANG, S.; ZHANG, Y., CONG, J.; WANG, M.; ZHAO, M.; LU, H.; XIE, C.; YANG, C.; YUAN, T.; LI, D.; ZHOU, J.; GU, B.; YANG, Y. **Variations of soil microbial community structures beneath broadleaved forest trees in temperate and subtropical climate zones.** *Frontiers in microbiology*, v. 8, p. 200, 2017.

YANG, Y.; DOU, Y.; HUANG, Y.; AN, S.. **Links between soil fungal diversity and plant and soil properties on the Loess Plateau.** *Frontiers in microbiology*, v. 8, p. 2198, 2017.

YAO, H.; WU, F. **Soil microbial community structure in cucumber rhizosphere of different resistance cultivars to fusarium wilt.** *FEMS microbiology ecology*, v. 72, n. 3, p. 456-463, 2010.

YOU, Y.; WANG, J.; HUANG, X.; TANG, Z.; LIU, S.; SUN, O. J. **Relating microbial community structure to functioning in forest soil organic carbon transformation and turnover.** *Ecology and evolution*, v. 4, n. 5, p. 633-647, 2014.

ZELLES, L. **Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: a review.** *Biology and fertility of soils*, v. 29, n. 2, p. 111-129, 1999.

ZHANG, D.; HUI, D.; LUO, Y.; ZHOU, G. **Rates of litter decomposition in terrestrial ecosystems: global patterns and controlling factors.** *Journal of Plant Ecology*, v. 1, n. 2, p. 85-93, 2008.

ZHANG, Y. H. P.; HIMMEL, M. E.; MIELENZ, J. R. **Outlook for cellulase improvement: screening and selection strategies.** *Biotechnology advances*, v. 24, n. 5, p. 452-481, 2006.

ZHU, J.; ZHANG, C.; LYNCH, J. P. **The utility of phenotypic plasticity of root hair length for phosphorus acquisition.** *Functional Plant Biology*, v. 37, n. 4, p. 313-322, 2010