

ESTRUTURA FILOGENÉTICA DE COMUNIDADES VEGETAIS EM CANGAS FERRUGINOSAS NO ESTADO DO PARÁ

J.F. Araújo; A.F. Castro; P.S.M. Sarmiento; G.S. Teodoro; M. Gastauer

Instituto de Ciências Biológicas. Rua Augusto Corrêa, 01. Guamá, CEP: 66075-110.

Belém, PA. E-mail: josineyaraujo@yahoo.com.br

INTRODUÇÃO

Entender o que causa a variação na composição e diversidade de espécies entre as comunidades locais pode fornecer informações sobre os mecanismos de montagem da comunidade (community assembly), principalmente em áreas megadiversas (Qian *et al.* 2014). Como as características ecológicas tendem a ser conservadas nas linhagens evolutivas (Gastauer *et al.* 2018), a análise filogenética das comunidades representa ferramenta para revelar a importância de filtros e interações na estruturação das comunidades (Webb *et al.* 2002). Agrupamento filogenético, ou seja, a coexistência de espécies mais aparentadas entre si do que esperado ao acaso indica dominância de filtros ambientais na estruturação das comunidades. Ao contrário, interações tendem a causar superdispersão filogenética.

Nosso estudo foi desenvolvido nas Cangas ferruginosas de Carajás, Pará. Esses ecossistemas, naturalmente fragmentados, cobrem afloramentos ferruginosos caracterizados por alta radiação, alta amplitude de temperaturas e baixa disponibilidade dos nutrientes e de água; sua elevada biodiversidade com altas taxas de endemismos a enquadra em áreas prioritárias para conservação (Viana *et al.*, 2016). Pequenas variações ambientais criam um mosaico de diferentes fitofisionomias (Mitre *et al.* 2018), incluindo campos herbáceos, campos rupestres arbustivos, campos rupestres arbustivos dominados por *Vellozia glochidea* (Velloziaceae) e capões florestais.

OBJETIVO

O objetivo do trabalho é revelar os principais mecanismos de montagem nas comunidades ao longo desse gradiente fitofisionômico. A nossa hipótese é que em fisionomias mais severas, como campos herbáceos, ocorre um maior agrupamento filogenético, indicando dominância de filtros ambientais, enquanto nos ambientes mais favoráveis como os capões florestais sobrevenha uma superdispersão filogenética.

MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi desenvolvido na Serra dos Carajás, estado do Pará, sendo amostradas 48 parcelas de 20×10m nos quatro tipos de vegetações: campo herbáceo rupestre (10 parcelas), campo rupestre arbustivo (15), campo rupestre arbustivo dominado por *Vellozia* (15) e capão florestal (8). Em todas as parcelas foram inventariadas as angiospermas em cinco subparcelas de 1×1m.

Na análise da estrutura filogenética, foi utilizado o Phylocom-4.2. As espécies registradas foram inseridas na megatree R20160415.new (Gastauer & Meira-Neto, 2017) usando a função 'phyloomatic' (Webb & Donoghue, 2005). A filogenia foi calibrada usando estimativas de idades de nós internos propostos por Magallón *et al.* (2015). A estrutura filogenética foi calculada com o índice de parentesco líquido (Net Relatedness Index-NRI) e o índice de táxon mais próximo (Nearest Taxon Index-NTI) utilizando o modelo nulo sem restrição que mantém a riqueza de cada parcela constante.

Para a verificação se as estruturas filogenéticas das fisionomias diferem do esperado pelo acaso, foram realizados testes T comparando os valores por fisionomia com zero. Para detectar diferenças entre as fisionomias foi aplicado Análise de Variância (ANOVA), seguido do teste post-hoc de Tukey após verificar por distribuição normal e homocedasticidade dos dados. Essas análises foram realizadas utilizando-se o software R versão 3.6 (R CORE TEAM, 2019).

DISCUSSÃO E RESULTADOS

Foi amostrado um total de 218 espécies, classificados em 145 gêneros e 60 famílias. A maioria das parcelas obtiveram valores positivos para o NRI, indicando agrupamento filogenético das Cangas como um todo (0.850 ± 1.531 , $p < 0.001$). Para o NTI, a metade das parcelas alcançaram valores menores do que zero, enquanto a outra metade apresenta valores positivos. Dessa forma, não foi encontrada uma estrutura filogenética que difere da expectativa nula (0.061 ± 1.396).

NRI e NTI indicam agrupamento filogenético para os campos herbáceos (NRI: 1.965 ± 1.721 , $p=0.003$; NTI: 1.435 ± 0.970 , $p<0.001$), mas somente o NRI revela agrupamento para os capões florestais (NRI: 1.742 ± 1.958 , $p=0.039$; NRI: 0.433 ± 1.395 , $p=0.409$) e o campo arbustivo (NRI: 0.729 ± 0.696 , $p=0.001$; NRI: 0.045 ± 1.138 , $p=0.881$). O campo arbustivo dominado por *Vellozia* possui superdispersão filogenética (NRI: -0.405 ± 0.597 , $p = 0.024$; NTI: -1.116 ± 0.830 , $p<0.001$).

NRI ($F=9.063$, $p<0.001$) e NTI ($F=11.5$, $p<0.0005$) diferem entre as quatro fitofisionomias, sendo que o campo herbáceo e o capão florestal possuem NRIs significativamente maiores do que o campo arbustivo e o campo arbustivo dominado por *Vellozia*. Já os valores de NTI diferem entre os campos herbáceos e os campos arbustivos e arbustivos dominados por *Vellozia*. Não houve diferença significativa entre capões e os campos herbáceos.

Assumindo conservação de traços nas linhagens evolutivas, os dados indicam dominância de filtros ambientais nos campos herbáceos e, em menor extensão, para os capões florestais. Filtros como solos rasos, alta radiação e inundações periódicas podem selecionar espécies heliofitas, incluindo espécies das famílias Cyperaceae, Poaceae e Xyridaceae. Nos capões, o sombreamento promove a exclusão dessas espécies causando agrupamento em eudicotiledonas. Superdispersão filogenética nos campos arbustivos dominados por *Vellozia* indicam dominância de interações interespecíficas nessa formação.

CONCLUSÃO

Os dados confirmaram parcialmente nossas hipóteses. Maior superdispersão filogenética não foi encontrado nos ambientais mais favoráveis ao crescimento de plantas (capões florestais), mas em campos rupestres dominados por *Vellozia*. A ausência desse padrão nos demais campos rupestres indica a atuação da *V. glochidea* como planta facilitadora nesses ambientes. Outros estudos devem focar na revelação desses mecanismos para entender os processos que permitem vida em cima de afloramentos ferruginosos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

GASTAUER, M.; MEIRA NETO, J.A.A. 2017. Updated angiosperm family tree for analyzing phylogenetic diversity and community structure. *Acta Botanica Brasilica*, v. 31, p. 191-198.

GASTAUER, M.; SILVA, J.R.; CALDEIRA-JR, C. F.; RAMOS, S. J.; SOUZA FILHO, P. W. M.; FURTINI-NETO, A. E.; SIQUEIRA, J. O. 2018. Mine land rehabilitation: Modern ecological approaches for more sustainable mining. *Journal of cleaner production*, v. 172, p. 1409-1422, 2018.

MAGALLÓN S.; GÓMEZ-ACEVEDO S.; SÁNCHEZ-REYES L.L.; HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ, T. 2015. A metacalibrated time-tree documents the early rise of flowering plant phylogenetic diversity. *New Phytologist* 207: 437-453
QIAN H.; ZHANG J. 2014. Using an updated time-calibrated family-level phylogeny of seed plants to test for non-random patterns of life forms across the phylogeny. *Journal of Systematics Evolution* 52: 423-430.

R CORE TEAM, 2019. R: Uma linguagem e ambiente para computação estatística. Viena, Fundação R para Computação Estatística. <http://www.R-project.org/>.
VIANA, P. L.; etval 2016. Flora das cangas da Serra dos Carajás, Pará, Brasil: história, área de estudos e metodologia. *Rodriguésia* 67, n. 5 (Especial): 1107-1124.

WEBB, C. O.; ACKERLY, D. D.; MCPEEK, M. A.; DONOGHUE, M. J. 2002. Phylogenies and community ecology. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 33:475-505.
WEBB C.O.; DONOGHUE M. J.; 2005. Phylomatic: tree assembly for applied phylogenetics. *Molecular Ecology Notes* 5: 181-183.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao Projeto “Canga Plant & Soil” do Instituto Tecnológico Vale e às equipes do meio ambiente do Projeto S11D e do Projeto Carajás-VALE pelo apoio logístico