

MARCIO GONÇALVES DA ROSA

**BIODIVERSIDADE DE MINHOCAS E ARANHAS EDÁFICAS EM SISTEMAS DE
USO DO SOLO EM SANTA CATARINA.**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Ciência do Solo da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Doutor em Ciência do Solo.

Orientador: Dr. Dilmar Baretta

**LAGES-SC
2017**

Ficha catalográfica elaborada pelo(a) autor(a), com
auxílio do programa de geração automática da
Biblioteca Setorial do CAV/UDESC

Rosa, Marcio Gonçalves

BIODIVERSIDADE DE MINHOCAS E ARANHAS EDÁFICAS EM
SISTEMAS DE USO DO SOLO EM SANTA CATARINA / Marcio
Gonçalves Rosa. - Lages , 2017.
185 p.

Orientador: Dilmar Baretta

Tese (Doutorado) - Universidade do Estado de Santa
Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias,
Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, Lages,
2017.


1. Marcadores moleculares. 2. Diversidade de
aranhas. 3. Esforço amostral. 4. Minhocas. I.
Baretta, Dilmar. II. Universidade do Estado de
Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação. III.
Título.


MARCIO GONÇALVES DA ROSA

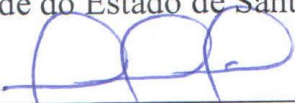
**BIODIVERSIDADE DE MINHOCAS E ARANHAS EDÁFICAS EM SISTEMAS DE
USO DO SOLO EM SANTA CATARINA.**

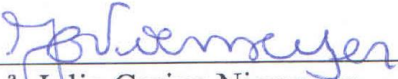
Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Ciência do Solo, da Universidade do Estado de Santa Catarina - UDESC, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutor em Ciência do Solo.

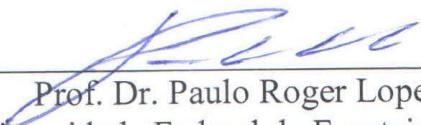
Banca examinadora:

Orientador: 
Prof. Dr. Dilmar Baretta
Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC

Membro Interno: 
Prof. Dr. Álvaro Luiz Mafra
Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC

Membro Interno: 
Prof. Dr. Júlio Cesar Pires Santos
Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC

Membro Externo: 
Prof. Drª. Julia Carina Niemayer
Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC

Membro Externo: 
Prof. Dr. Paulo Roger Lopes Alves
Universidade Federal da Fronteira Sul - UFSS

Lages, 17 de julho de 2017

Dedico esse trabalho aos Marcios, Pedros, Manuelas, Julias, Julianas, Mariannes, Cassianas, Guilhermes, Álvaro, Julios, Paulos, Daianes, Gilvanis, Livias, Giovanas, Rafaelas, Marcielis, Pamelas, Rafaéis, Diogos, Patricks, Saras, Gessianes, Myrcias, Maries, Camilas, Anas, Josielis, Vanessas, Sonias, Renatos, Eduardos, Amandas, Barbaras, Celsos, Adrianas, Alines, Lucias, Letícias, Tamires, Herberts, Fernandas, Emersons, Wiliams, Edpools, Lilianas, Eduardos, Larissas, Mirjans, Jonas, Karinas, Filipes, Filipas, Kelis, Lucimares, Priscilas, Lucianes, Douglas, Joanas, Danielas, Giselas, Camilas, Lauras, Cintias, Talytas, Dubielas, Matheus, Regianes, Alciras, Saletes, Lucianas, Rogérios, Janaínas, Samaras, Francieles, Darleis, Sandras, Ericks, Lucymaras, Thalles, Marilenes, Silvanas, Sheilas, Laudianes, Franciscas, Natálias, Mayras, Ricardos, Daniéis, Jéssicas, Tonis, Elwys, Margaridas, Lucilenes, Rosianes, Leandros, Elodies, Carlas, Marias de Fátima, Ruis, Nunos, Felipes, Luizes, Luíses, Josianes, Carolinas, e todos que de alguma forma, por algum motivo formaram minha família temporária, quer seja de perto, de longe, do outro lado do Brasil ou do oceano! A vocês dedico.

AGRADECIMENTOS

À minha mãe Cenilva, pelo apoio e amor incondicional, à Gessiane Ceola, Myrcia Minatti, Salete Minatti (*in memoriam*). Aos Professores Dilmar Baretta, Júlio César Pires Santos e Álvaro Luiz Mafra, por acreditarem em mim como pessoa e como profissional, pelos ensinamentos e pelo privilégio de permitir trabalhar com vocês, minha mais profunda gratidão! Aos integrantes do Laboratório de Ecologia do Solo da UDESC/CAV; Aos integrantes do Laboratório de Solos e Sustentabilidade da UDESC/CEO; Aos integrantes do Laboratório de Genética da EMBRAPA Florestas; Aos integrantes do Laboratório de Ecologia Funcional da Universidade de Coimbra; À Doutora Marie Bartz pela identificação das espécies de minhocas; Ao Doutor Antônio Domingos Brescovit e sua equipe pela identificação das Aranhas; Ao Doutor Guilherme Schühli pelo treinamento e amizade; À Universidade Federal do Paraná (UFPR) por gentilmente ceder profissionais, equipamentos, recursos e prover treinamento para o sequenciamento das amostras de minhocas; À FAPESC/CAPES pela concessão da bolsa de estudos e pelo financiamento do projeto SisBiota (Processo 6.309/FAPESC) e CNPq (Processo: 563251/2010-7/CNPq); A todos que de uma forma ou de outra contribuíram para o desenvolvimento do presente trabalho.

“Diante da vastidão do tempo e da imensidão do universo, é um imenso prazer para mim dividir um planeta e uma época com você.” (Carl Sagan)

RESUMO

A fauna edáfica desempenha papel fundamental dentro dos ecossistemas terrestres, atuando em atributos físicos e químicos do solo. Entretanto, a antropização e a utilização inadequada do solo tem levado a um declínio global de espécies, resultando em redução da prestação de serviços ecossistêmicos. O presente trabalho objetivou avaliar a diversidade de dois grupos taxonômicos que desempenham papel chave: aranhas e minhocas em doze municípios distribuídos nas regiões Leste, Sul, Planalto e Oeste do Estado de Santa Catarina. As amostragens foram realizadas em épocas contrastantes (inverno e verão) utilizando duas metodologias: *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) e armadilhas de solo em uma grade amostral de 3x3. Nos mesmos pontos foram coletadas amostras para avaliação dos atributos físicos e químicos do solo. Os sistemas de uso do solo (SUS) com crescente nível de intervenção antrópica avaliados foram: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), Integração Lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Ao todo foram coletadas 1631 aranhas e 2737 minhocas, destas últimas, 170 foram selecionadas para análise genética, a fim de comparação da identificação molecular versus identificar morfológica. Os dados de abundância de aranhas foram submetidos a análises multivariadas e juntamente com as minhocas e aranhas para determinar o número adequado de amostras necessárias para coletar pelo menos 60% da biodiversidade nos SUS avaliados. As metodologias de identificação para minhocas (molecular vs. morfológica) se complementam e, portanto, somente um marcador molecular não é suficiente para determinar com exatidão as espécies de minhocas no Estado de Santa Catarina. A diversidade de aranhas foi influenciada pela intensificação de uso do solo em todas as regiões, de forma distinta. Nas regiões Oeste e Planalto houve correlação positiva entre a diversidade de aranhas e alguns atributos físicos e químicos do solo, enquanto as regiões Sul e no Leste não apresentaram essa correlação. A diversidade de aranhas é maior nas regiões Oeste e Planalto enquanto nas regiões Sul e Leste é ligeiramente mais homogênea. O número necessário de amostras a ser coletada para avaliação de 60% da riqueza de minhocas é de 27 pontos por SUS enquanto que para aranhas esse número é suficiente apenas para SUS, como PD e ILP. Para áreas conservadas o número é consideravelmente maior (± 57 amostras) e de acordo com a sua estabilidade ecológica.

Palavras-chave: Marcadores moleculares 1. Diversidade de aranhas 2. Esforço amostral 3. Minhocas 4.

ABSTRACT

The edaphic fauna plays a fundamental role within the terrestrial ecosystems, acting on physical and chemical attributes of the soil. However, anthropization and inadequate land use has led to a global decline in species, resulting in reduced ecosystem service delivery. The present work aimed to evaluate the diversity of two taxonomic groups that play a key role: spiders and worms in twelve cities of the State of Santa Catarina. In the East, South, Plateau and West regions of the State of Santa Catarina. Samplings were carried out in contrasting seasons (winter and summer) using two methodologies: *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) and *Pitfall traps* in a 3x3 sampling grid. At the same points, samples were collected to evaluate the physical and chemical attributes of the soil. The Soil Use Systems (SUS) with increasing levels of anthropogenic intervention evaluated were Native Forest (NF), Eucalyptus Reforestation (ER), Pasture (PA), crop-livestock Integration (CLI) and No-tillage system (NT). A total of 1631 spiders and 2737 earthworms were collected. Being the last 170 were selected for genetic analysis in order to compare molecular identification versus morphological identification. Spider abundance data were submitted to multivariate analysis and together with earthworms and spiders to determine the adequate number of samples needed to collect at least 60% of the biodiversity in the SUS. The methodologies of identification for earthworms (molecular vs. morphological) complement each other and therefore only a molecular marker is not sufficient to determine accurately the species of earthworms in the State of Santa Catarina. The diversity of spiders was influenced by the intensification of land use. In the West and Plateau regions, there was a positive correlation between spider diversity and some soil physical and chemical parameters, while the South and East regions did not present this correlation. The required number of samples to be collected for evaluating 60% of richness of earthworm diversity is 27 points per SUS whereas for spiders this number is sufficient only for SUS, as NT and CLI for conserved areas the number is considerably higher and according to their environmental stability.

Keywords: Molecular markers 1. Spider diversity 2. Sampling effort 3. Earthworm 4.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.1. Municípios de coleta dos indivíduos. Oeste (1 a 3): são miguel do oeste; 2: chapecó; 3: xanxerê; planalto: (4 a 6) 4: campo belo do sul; 5: lages; 6: otacílio costa; leste (7 a 9) 7: joinville; 8: timbó; 9: blumenau; sul (10 a 12) 10: lauro muller; 11: orleans; 12: siderópolis..... 53
- Figura 1.2 Sobreposição das taxas de variação interespecíficas (Inter) e intraespecíficas (Intra) para o para minhocas (Oligoacheta:Haplotaxida) em Santa Catarina, independente da região e do sistema de uso. 64
- Figura 1.3. A: Análise de máxima verossimilhança; bootstrap de 1000 replicatas. B: Inferência bayesiana gerada através do software MrBayes com 3500000 gerações. Onde os pontos vermelhos são considerados ponto de incongruência na topologia da árvore. 65
- Figura 1.4 Árvore Neighbour-Joining evidenciando os 8 grupos formados através do Bootstrap de 1000 replicatas. As cores representam as famílias onde cada gênero/espécie está alocado. 66
- Figura 2.2: análise de componentes principais (ACP) para as famílias de aranhas (em itálico) e variáveis ambientais explicativas (em vermelho) e os sistemas de floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), Integração Lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) na região Oeste de Santa Catarina em duas épocas contrastantes: (Inverno e Verão). A = Inverno Pitfall traps, B = Verão Pitfall traps, C = Inverno TSBF, D = Verão TSBF, E = Inverno TSBF + Pitfall, F= Verão TSBF + Pitfall. MO = matéria orgânica; Mg = magnésio; RP= resistência a penetração de raízes; DMP = diâmetro médio ponderado; Micro = microporosidade; Macro = macroporosidade; COT = carbono orgânico total; Al = alumínio; Ds = densidade; Ca= cálcio; Bio = bioporos; N = nitrogênio. C.P.1 = Componente Principal 1; C.P.2 = Componente Principal 2. 89
- Figura 2.3: Análise de redundância (RDA) para as famílias de aranhas (em itálico) e sua relação com os atributos edáficos (em vermelho) independente do Sistema de uso do Solo (SUS) estudado, na região Oeste de Santa Catarina em duas épocas de amostragem: (Inverno e Verão) A = Inverno Pitfall, B = Verão Pitfall, C = Inverno TSBF, D = Verão TSBF, D = Inverno TSBF + Pitfall, F= Verão TSBF + Pitfall, MO = matéria orgânica; Mg = magnésio; RP= resistência a penetração de raízes; DMP = diâmetro médio ponderado; micro = microporosidade; macro = macroporosidade; COT = carbono orgânico total; Al = alumínio; Ds = densidade; Ca= cálcio; Bio = bioporos; N = nitrogênio.....91
- Figura 3.1. Análise de componentes principais (ACP); Inverno (A), Verão (B), para famílias de aranhas do solo na região do Planalto Sul Catarinense (n=27) em cada sistema de uso: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Potássio (K), Magnésio (Mg), Cálcio (Ca), Alumínio trocável (Al), Microporosidade (Micro),

Enxofre (S), Densidade (Ds), Diâmetro Médio Ponderado (DMP), Nitrogênio (N),
Matéria Orgânica (MO), Carbono Microbiano (Cmic)..... 106

Figura 3.2. Análise de Redundância (RDA); A = Inverno, B = Verão, para famílias de aranhas do solo na região do Planalto Sul Catarinense (n=27) em cada sistema de uso: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Potássio (K), Magnésio (Mg), Cálcio (Ca), Alumínio trocável (Al), Microporosidade (Micro), Enxofre (S), Densidade (Ds), Diâmetro Médio Ponderado (DMP), Nitrogênio (N), Matéria Orgânica (MO), Carbono Microbiano (Cmic). 108

Figura 4.1. Relação entre a componente principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da análise de componentes principais (ACP) no inverno (A) e verão (B) de 2011 para as famílias de aranhas (em itálico) encontradas e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho), na região Leste do Estado de Santa Catarina. (n = 135) através do método de TSBF. Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; pastagem perene: PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; cálcio: Ca; densidade do solo: Ds; matéria orgânica do solo: MO; microporosidade: Micro; nitrogênio total: N; Resistência a penetração: RP; Bioporos :Bio, 125

Figura 4.2. Relação entre a componente principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da análise de componentes principais (ACP) no inverno (a) e verão (b) de 2011 para as famílias de aranhas (em itálico) encontradas e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho) na região Leste do Estado de Santa Catarina. (n = 135) através do método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; pastagem perene: PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; densidade do solo: Ds; microporosidade: Micro; Bioporos: Bio; 126

Figura 5.1 – Relação entre a Componente Principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da Análise de Componentes Principais (ACP) no inverno (A) e verão (B) de para as famílias de aranhas (em itálico) e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho), na região Sul do Estado de Santa Catarina (n = 135) através do método Tropical Soil Biology and Fertility (TSBF). Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; Pastagem perene PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; cálcio: Ca; densidade do solo: Ds; matéria orgânica do solo: MO; macroporosidade: Macro; Bio: bioporos; Al: alumínio trocável. 143

Figura 5.2 – Relação entre a Componente Principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da Análise de Componentes Principais (ACP) no inverno (A) e verão (B) de para as famílias de aranhas (em itálico) encontradas e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho), na região Sul do Estado de Santa Catarina (n = 135) através do método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; Pastagem perene: PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; cálcio: Ca; densidade do solo: Ds; matéria orgânica do solo: MO; macroporosidade: Macro..... 144

- Figura 6.1. Mapa mostrando os municípios e regiões do estado de Santa Catarina, no Brasil, onde foi realizada amostragem de minhocas e aranhas. Onde: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP), plantio direto (PD). Região Oeste (1,2,3); Planalto (4,5,6); Sul (7,8,9); Leste (10,11,12). 157
- Figura 6.2 – Boxplot dos valores de esforço amostral de morfoespécies de aranhas nos Sistemas de Uso do Solo (SUS) de floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) no Verão (A) e no Inverno (B). Independente da região de amostragem..... 166
- Figura 6.3 - Boxplot dos valores de esforço amostral de morfoespécies de minhocas na floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) no Verão (A) e no Inverno (B). Independente da região de amostragem..... 167
- Figura 6.4. Relação entre o esforço amostral para estimar 60% da riqueza de aranhas e a dissimilaridade média por Sistema de Uso do Solo (SUS). Círculos maiores indicam alta riqueza em cada SUS amostrado no Verão (A), Inverno (B)..... 168
- Figura 6.5. Relação entre o esforço amostral para estimar 60% da riqueza de morfoespécies de minhocas e a dissimilaridade média por Sistema de Uso do Solo (SUS). Círculos maiores indicam Alta riqueza em cada SUS amostrado. Verão (A), Inverno (B). 169

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.1 Resultado da identificação molecular através do DNA Barcode e identificação morfológica. Nos sistemas de uso do solo (SUS) floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura pecuária (ILP) e plantio direto (PD) nos municípios (Mun.) de Xanxerê (XAN); São Miguel do Oeste (SMO); Chapecó (XAP); Campo Belo do Sul (CBS); Lages (STS); Otacílio Costa (OTC); Timbó (TIM); Joinville (JOI); Blumenau (BLU); Orleans (ORL); Lauro Müller (LAU); Siderópolis (SID). Maturidade (Mat); Juvenis (j); Subadultos (s) e Adultos (a). Divergências de identificação estão grifadas em negrito. 56
- Tabela 2.1. Número de indivíduos (famílias de aranhas) capturados no Oeste de Santa Catarina utilizando dois métodos combinados (TSBF + *Pitfall traps*) em duas épocas contrastantes (inverno e verão) em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade..... 82
- Tabela 2.2. Número de indivíduos (famílias de aranhas) capturados no Oeste de Santa Catarina utilizando Método *Pitfall traps* em duas épocas contrastantes (inverno e verão) em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade..... 84
- Tabela 2.3. Número de indivíduos (famílias de aranhas) capturados no Oeste de Santa Catarina utilizando Método TSBF em duas épocas contrastantes (inverno e verão) em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade..... 86
- Tabela 3.1. Abundância total de aranhas encontrada utilizando dois métodos (TSBF e armadilhas) de coleta em sistemas de floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) no inverno e verão no Planalto Sul Catarinense. Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade..... 103
- Tabela 4.1. Família, Gênero ou espécies de aranhas (número de indivíduos coletados) e índice de Shannon-Wiener (H') em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) usando método TSBF e armadilhas de solo (*Pitfall traps*) na região Leste do Estado de Santa Catarina..... 120

Tabela 5.1. Família, gênero ou espécie de aranhas (número de indivíduos coletados) e índice de Shannon-Wiener (H') em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) no inverno e verão usando método TSBF e armadilhas de solo (<i>Pitfall traps</i>) na região Sul do Estado de Santa Catarina.....	138
---	-----

LISTA DE QUADROS

- Quadro 6.1: Lista dos Sistemas de Uso do Solo (SUS) floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), plantio direto (PD) nas regiões Leste, Planalto, Oeste e Sul que foram removidos de todas ou apenas algumas análises. 161
- Quadro 6.2– Cálculo do esforço amostral necessário para captar 60, 70, 80 E 90% da biodiversidade de aranhas e minhocas, nas regiões Leste, Oeste, Planalto e Sul de Santa Catarina, Brasil sistemas de uso do solo locais de floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) durante o verão de 2011 e 2013. Espécies Observadas (E.O.); Espécies Esperadas (E.ESP.) e Total da biodiversidade captada (t); Linhas preenchidas com (-) não obtiveram diversidade suficiente par ao cálculo de esforço amostral. 163
- Quadro 6.3. Cálculo do esforço amostral necessário para captar 60, 70, 80 E 90% da biodiversidade de aranhas e minhocas, no Leste, Oeste, Planalto e Sul de Santa Catarina, Brasil em locais de floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) durante o inverno de 2011 e 2013. Espécies Observadas (E.O.); Espécies Esperadas (E.ESP.) e Total da biodiversidade captada (t); Linhas preenchidas com (-) não obtiveram diversidade suficiente par ao cálculo de esforço amostral. 164

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	26
1.1 O SOLO COMO AMBIENTE SENSÍVEL A MODIFICAÇÕES	26
1.2 A FAUNA DO SOLO E SUAS PERSPECTIVAS	28
1.3 ARANHAS (ARANEAE, ARACHNIDA)	32
1.4 MINHOCAS (ANNELIDA: OLIGOCHAETA).....	34
2 ESTRUTURA DA TESE	37
2.1 HIPÓTESES	37
2.2.1 Objetivo geral.....	37
2.2.2 Apresentação dos capítulos.....	38
CAPÍTULO 1 – VASCULHANDO NO SOLO: ONDE ESTÁ O BARCODE GAP DAS MINHOCAS BRASILEIRAS?.....	38
CAPÍTULO 2 - ARANHAS (ARACHNIDA: ARANEAE) EM SISTEMAS DE USO DO SOLO NO OESTE DE SANTA CATARINA.....	38
CAPÍTULO 3 - DIVERSIDADE DE ARANHAS EDÁFICAS EM SISTEMAS DE USO E MANEJO DO SOLO NA REGIÃO DO PLANALTO SUL CATARINENSE, BRASIL.	38
CAPÍTULO 4 - ARANHAS (ARACHNIDA: ARANEAE) EM FLORETA NATIVA, REFLORESTAMENTO DE EUCALIPTO, PASTAGEM PERENE, INTEGRAÇÃO LAVOURA-PECUÁRIA E PLANTIO DIRETO NO LESTE CATARINENSE.....	38
CAPÍTULO 5 - A INTENSIFICAÇÃO DO USO DO SOLO PODE AFETAR A BIODIVERSIDADE DE ARANHAS?	39
CAPÍTULO 6 - QUANTAS AMOSTRAS COLETAR SÃO NECESSÁRIAS PARA AVALIAÇÃO DE MINHOCAS E ARANHAS EDÁFICAS EM SISTEMAS DE USO DO SOLO SUBTROPICAIS?	39
REFERÊNCIAS	39
CAPÍTULO 1 – VASCULHANDO NO SOLO: ONDE ESTÁ O BARCODE GAP DAS MINHOCAS BRASILEIRAS?.....	49
RESUMO.....	49
ABSTRACT	50

1.1 INTRODUÇÃO	50
1.2 MATERIAL E MÉTODOS	52
1.2.1 AMOSTRAGENS DAS MINHOCAS	52
1.2.2 EXTRAÇÃO DO DNA, AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO.....	53
1.2.3 ANÁLISES GENÉTICAS	54
1.2.4 ANÁLISES MORFOLÓGICAS	55
1.3 RESULTADOS.....	55
1.3.1 DNA Barcode para a identificação de espécies.	55
1.3.2 Determinação da variação intra e interespecífica: (BARCODE GAP)	64
1.4 DISCUSSÃO	67
1.5 CONCLUSÕES	71
REFERÊNCIAS	72
CAPÍTULO 2 – ARANHAS (ARACHNIDA: ARANEAE) EM SISTEMAS DE USO DO SOLO NO OESTE DE SANTA CATARINA.....	77
RESUMO	77
ABSTRACT	77
2.1. INTRODUÇÃO	78
2.2. MATERIAL E MÉTODOS	79
2.3. RESULTADOS.....	81
2.3 DISCUSSÃO	92
2.4 CONCLUSÕES	95
REFERÊNCIAS	95
CAPÍTULO 3 – DIVERSIDADE DE ARANHAS EDÁFICAS EM SISTEMAS DE USO E MANEJO DO SOLO NA REGIÃO DO PLANALTO SUL CATARINENSE, BRASIL	98
RESUMO	98
ABSTRACT	98
3.1 INTRODUÇÃO	99
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	100

3.2.1 Caracterização das áreas de estudo	100
3.2.2 Métodos de amostragem	101
3.2.3 Avaliação das variáveis ambientais explicativas	101
3.2.4 Métricas de diversidade	102
3.2.5 Análise estatística.....	102
3.3 RESULTADOS	103
3.4 DISCUSSÃO	109
3.5 CONCLUSÕES	112
REFERÊNCIAS	112
CAPÍTULO 4 – ARANHAS (ARACHNIDA: ARANEAE) EM SISTEMAS DE USO DO SOLO NO LESTE CATARINENSE	115
RESUMO.....	115
ABSTRACT	115
4.1 INTRODUÇÃO.....	116
4.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	117
4.2.1 Local de estudo e delineamento amostral.....	117
4.2.2 Método de amostragem das aranhas	118
4.2.3 Atributos físicos e químicos do solo	118
4.2.4 Análise dos dados.....	119
4.3 RESULTADOS	119
4.4 DISCUSSÃO	127
4.5 CONCLUSÕES	130
REFERÊNCIAS	130
CAPÍTULO 5 – A DO USO DO SOLO PODE AFETAR A BIODIVERSIDADE DE ARANHAS NO SUL DE SANTA CATARINA?	133
RESUMO.....	133
ABSTRACT	133
5.1 INTRODUÇÃO.....	134
5.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	135

5.3 RESULTADOS.....	137
5.4 DISCUSSÃO	145
5.5 CONCLUSÕES	148
REFERÊNCIAS	148
CAPÍTULO 6 - QUANTAS AMOSTRAS SÃO NECESSÁRIAS PARA AVALIAÇÃO DE MINHOCAS E ARANHAS EDÁFICAS EM SOLOS SUBTROPICAIS?	152
RESUMO	152
ABSTRACT	153
6.1 INTRODUÇÃO	153
6.2 MATERIAL E MÉTODOS	155
6.2.1 Locais de amostragem	155
6.2.2 Coleta das espécies	158
6.2.2.1. Aranhas	158
6.2.2.2. Minhocas	158
6.2.3 Análise dos dados	159
6.3 RESULTADOS.....	162
6.3.1 Esforço amostral	162
6.3.1.1 Aranhas	162
6.3.1.1.1 Planalto catarinense	162
6.3.1.1.2 Região oeste	162
6.3.1.1.3 Região leste	165
6.3.1.2 Minhocas	166
6.3.2 Esforço amostral e dissimilaridade entre amostras	167
6.3.2.1 Aranhas	167
6.3.2.2 Minhocas	168
6.4 DISCUSSÃO	169
6.4.1 Aranhas	170
6.4.1.1 Dissimilaridade e esforço amostral da comunidade de aranhas.....	170

6.4.2 Minhocas	172
6.4.2.1 Dissimilaridade e esforço amostral da comunidade de minhocas.....	172
6.5 CONCLUSÕES.....	175
REFERÊNCIAS	175
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	182
ANEXOS	183
ANEXO 1– DESCRIÇÃO DETALHADA DAS CONDIÇÕES DE USO E MANEJO PARA FLORESTA NATIVA (FN), PASTAGEM PERENE (PA), REFLORESTAMENTO DE EUCALIPTO (RE), PLANTIO DIRETO (PD) E INTEGRAÇÃO LAVOURA-PECUÁRIA (ILP) NAS DIFERENTES REGIÕES DE AMOSTRAGEM NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	183

1 INTRODUÇÃO

1.1 O SOLO COMO AMBIENTE SENSÍVEL A MODIFICAÇÕES

A supressão dos habitats naturais pelas das atividades antrópicas tem levado a uma crise ambiental severa nos últimos anos, reflexo do crescimento urbano desordenado, expansão agrícola e insuficiência de políticas públicas voltadas a conservação da biodiversidade brasileira. Estudos oriundo das Nações Unidas apontam que o crescimento demográfico até o ano de 2100 resultará em uma população de 13 bilhões de pessoas em todo o planeta, o que justifica a alta necessidade de produção de alimentos e a expansão da agricultura no mundo (ABEL et al., 2016).

Em um olhar mais detalhado em cada região do País o Instituto de Pesquisa e Economia Aplicada (IPEA) em 2014 revelou que entre 2006 e 2010 o aumento médio das áreas agrícolas foi de 21,75% em algumas mesorregiões do País (FREITAS; MENDONÇA; LOPES, 2014). Tendo isso posto, faz-se necessário verificar os reflexos desse aumento considerável de locais que outrora eram florestas e/ou áreas naturais e passaram a ser exploradas economicamente, dando espaço a monoculturas e formação de mosaicos na paisagem.

As monoculturas já foram relatadas por inúmeros autores como uns dos principais fatores da redução da biodiversidade (BALDISSERA et al., 2008; JIANG; YIN; WANG, 2013a; BARSOUM et al., 2014; FRANCO et al., 2016; MUELLER et al., 2016; BENVENUTI; BRETZEL, 2017; GASPARATOS et al., 2017; MORAES; MELLO; TOPPA, 2017;; TRABAQUINI et al., 2017; WANG et al., 2017) e os impactos que esta prática causa nos ecossistemas terrestres e por conseguinte nos organismos edáficos. Os exemplos mais concretos relacionados aos impactos causados pela monocultura podem-se citar: simplificação da estrutura arbórea-arbustiva, alteração de microclima, redução da diversidade de serapilheira. Além disso, em agroecossistemas existe a necessidade de utilização de pesticidas para controle de pragas, que constituem potenciais estressores das comunidades edáficas em locais de produção agrícola.

O preparo do solo nestes locais promovem modificações físicas e químicas, que são desejáveis para as culturas anuais, apesar disso quando o manejo das áreas agricultáveis é demasiado intenso, pode haver perda considerável da qualidade do solo do ponto de vista agrônomo, como, compactação das camadas superficiais, perda de solo por processos erosivos, redução da micro e macroporosidade, lixiviação de nutrientes por escoamento superficial (WANG et al., 2017).

Alguns preparos do solo podem ser menos impactantes e considerados por muitos pesquisadores como sistemas de uso do solo (SUS) conservacionistas, como o plantio direto (PD) e sistemas de integração lavoura-pecuária (ILP) basicamente por preservar o solo contra processos erosivos e aumentar os teores de matéria orgânica (MO) (CHEN; WEIL; HILL, 2014; DAL FERRO et al., 2014; DONG et al., 2017; KITONYO et al., 2017; MITCHELL et al., 2017; PREITI et al., 2017; SLESÁK et al., 2017), além de contribuir para a biodiversidade de organismos edáficos, especialmente pelo aumento dos teores de MO (DUVAL et al., 2013; BARTZ et al., 2014a; WANG et al., 2014; BERTRAND et al., 2015; TU et al., 2017).

Os organismos do solo são dependentes de fatores ambientais, como umidade, temperatura, MO, plantas de cobertura, entre outros fatores inerentes ao processo de colonização deste ambiente. Alguns destes organismos respondem rapidamente às modificações ocorridas no solo e portanto podem ser utilizados como indicadores de qualidade do solo (SANTORUFO et al., 2012; KOVÁCS-HOSTYÁNSZKIA et al., 2013; LAVELLE; MOREIRA; SPAIN, 2014; REIS et al., 2016; UNTENECKER et al., 2017; DIAZ-BALTEIRO et al., 2017).

Os atributos do solo podem ser facilmente alterados devido às práticas culturais exercidas e locais de produção agrícola, pela aplicação de fertilizantes e pesticidas, redução do volume de vazios pelo tráfego de implementos agrícolas, redução da estabilidade de agregados, formação de impedimentos físicos (pé de arado) compactação pelo pisoteio animal, alterações no ciclo do carbono e nitrogênio, entre outros (ANGHINONI et al., 2017; BORDONAL et al., 2017; CHEN et al., 2017; HEBB et al., 2017; MARINHO et al., 2017; NEGASA et al., 2017; ZHONG et al., 2017).

As alterações nas propriedades físicas e químicas do solo interferem indiretamente nos teores de MO, que pode ser considerado o atributo chave do solo para que os organismos permaneçam prestando os serviços ecossistêmicos de suporte e provisão (ADHIKARI; HARTEMINK, 2016; CALZOLARI et al., 2016). Esta característica está ligada a sinergia que a MO estabelece nas redes tróficas, principalmente pelo processo de decomposição (BRENNAN; ACOSTA-MARTINEZ, 2017; DE BOER, 2017; DI LONARDO et al., 2017; FINN et al., 2017; VAN DER WAL; XIAO et al., 2017).

A decomposição de resíduos vegetais em áreas agricultáveis e naturais determina uma cascata de processos biológicos no solo (LIU et al., 2016), relacionada à manutenção de fungos, bactérias, protozoários que estão envolvidos no processo de imobilização de mineralização dos nutrientes, além de servir como biomassa disponível para predadores como nematoides, colêmbolos, micropredadores e forrageadores. Estes por sua vez, podem ser presa de

organismos maiores como aranhas, chilopoda, diplopoda, isopoda, entre outros. Essas inter-relações torna os organismos do solo essenciais para a manutenção dos fluxos de energia nos ecossistemas terrestres (GASPARATOS et al., 2017).

1.2 A FAUNA DO SOLO E SUAS PERSPECTIVAS

A fauna do solo foi classificada por Swift (1979) de acordo com tamanho corporal em: microfauna ($4\mu\text{m} - 100\mu\text{m}$); mesofauna ($100\mu\text{m} - 2\text{mm}$); macrofauna ($2\text{mm} - 20\text{mm}$). A microfauna está relacionada aos protozoários, tardígrados, nematoides, copepodes que em realidade são aquáticos, mas habitam os filmes de água presentes na porção porosa do solo. A mesofauna é composta por organismos como colêmbolos (*Collembola*), ácaros (*Acari*), pequenas aranhas (*Araneae*), larvas diversas, algumas espécies de formigas (*Formicidae*), proturos (*Protura*), sínfilos (*Symphyla*) etc. A macrofauna é composta por besouros (*Coleoptera*), minhocas (*Oligochaeta*), aranhas (*Araneae*), lacraias (*Chilopoda*), centopeias (*Diplopoda*) entre outros.

Os grupos da fauna do solo estão envolvidos em processos como ciclagem de nutrientes, controle biológico de pragas, bioturbação e formação de poros que alteram as propriedades hidráulicas do solo (JIMÉNEZ et al., 2011; VELÁSQUEZ et al., 2012). Esses serviços prestados pela fauna edáfica são de difícil valoração e ainda não são totalmente compreendidos (JANION-SCHEEPERS et al., 2016). Entretanto, o valor não econômico do papel que estes organismos exercem nos ecossistemas é sem sombra de dúvida, incalculável.

Cada grupo de organismos do solo apresenta comportamento distinto e interfere em propriedades distintas, inter-relacionadas e co-dependentes. O exemplo mais claro e conhecido de interferência nos atributos do solo é das minhocas, consideradas engenheiros do ecossistema por afetarem diretamente as propriedades hidráulicas, criando poros no solo que facilitam a infiltração de água e circulação de gases ao longo do perfil do solo. Ainda produzem pelotas fecais (coprólitos), formando pontos de alta concentração de nutrientes; redistribuem o material orgânico em decomposição e espalham esporos de fungos micorrízicos (CURRY, 2001; SCHMIDT; SYLVAIN; WALL, 2011; KEITH; ROBINSON, 2012; LYTTLE et al., 2015).

Aliado a isso, as minhocas também exercem forte papel nos processos de imobilização do carbono. MORRIËN et al. (2017) demonstraram que as interações tróficas envolvendo a MO podem contribuir para os reservatórios de carbono no solo e portanto, desempenham papel fundamental no sequestro de carbono. Estes mesmos autores apresentam uma lista de inter-relações entre os diferentes grupos de organismos do solo, incluindo as minhocas, bactérias, fungos, mesofauna e macrofauna.

Todas essas relações constituem um elo importante nos fluxos de energia nos ecossistemas, que comumente são positivos em diversas escalas, quer seja para a produção agrícola pela disponibilização de nutrientes, quer seja para uma escala global como redução de emissões de gases de efeito estufa. Portanto, a manutenção da biodiversidade nos solos contribui de forma substancial em termos globais para a produção primária (RIZO-PATRÓN V. et al., 2013; WANG, 2013b; BOTTINELLI et al., 2015; TAO et al., 2016; JIANG; YIN; LYTTLE et al., 2015; RAMOS-MERCHANTE; PRENDA, 2017;).

Embora muitos estudos tenham despontado nos últimos anos demonstrando de forma clara e objetiva as contribuições para a manutenção dos organismos do solo, para nossas condições subtropicais o desafio posto ainda é a mensuração da biodiversidade edáfica, por dois motivos principais 1) Desconhecimento quase que total das espécies de organismos edáficos; 2) dificuldade em se estabelecer objetivo de proteção devido a se não se conhecer a biodiversidade. Desta forma os inventários ainda são importantes para o levantamento da fauna do solo.

No Estado de Santa Catarina alguns estudos vem sendo conduzidos na perspectiva de preencher a lacuna existente no *status quo* da biodiversidade dos organismos edáficos, tal qual o trabalho de BARTZ et al., (2014a) que avaliou a riqueza de minhocas nas regiões Oeste (Chapecó, São Miguel do Oeste, Xanxerê) e Planalto (Lages, Campo Belo do Sul e Otacílio Costa) e verificou que os SUS impactam em diferentes escalas a comunidade destes organismos. Há estudos pontuais envolvendo aranhas no Oeste catarinense (São Miguel do Oeste) (PREUSS; LUCAS, [s.d.]) e BARTZ et al., (2014b) que avaliaram no Oeste catarinense a mesofauna associada aos SUS com crescente intensidade de uso e encontraram diferenças significativas em termos de abundância e riqueza.

Recentemente outros trabalhos envolvendo fauna do solo foram conduzidos por ROSA et al., (2015), POMPEO et al., (2016a) e POMPEO et al., (2016b) na região do Planalto Catarinense e na região Leste (Blumenau, Timbó e Joinville) nas mesmas condições de intensidade de uso do solo por SOUZA et al., (2016), entretanto vale ressaltar que a maior parte dos estudos citados não envolvem identificação em nível de espécie, principalmente pela falta de profissionais treinados para identificação, classificação e descrição das espécies.

A falta de incentivo à formação de taxonomistas já foi reportado por DECAËNS et al., (2013a) e denominado como impedimento taxonômico à conservação da biodiversidade. Estes autores apontam que a técnicas clássicas de avaliação morfológica vêm perdendo espaço, especialmente pelo fato de que a biodiversidade de organismos é infinitamente grande e o tempo (anos, talvez décadas) de treinamento necessário, além da falta de incentivo financeiro (salários,

recursos externos), são os principais motivos para o número reduzido de profissionais capacitados para identificar, classificar e descrever dos indivíduos coletados.

Por outro lado, o avanço das técnicas moleculares vem ganhando espaço e traçando novas perspectivas para minimizar o impedimento taxonômico à conservação da biodiversidade. Treinar um pesquisador para trabalhar com biologia molecular envolve apenas o treinamento básico de laboratório e seguir rotinas pré estabelecidas, o que pode ser atrativamente mais barato, rápido e com a mesma eficiência das técnicas de identificação clássica, por outro lado, dificulta a descrição de novas espécies.

De modo geral, as técnicas moleculares de extração são divididas em: A) Coleta do material a ser analisado; B) Extração padronizada do DNA; C) Amplificação do material genético pela reação em cadeia da polimerase (PCR); D) Eletroforese em gel de agarose; E) Purificação do material amplificado; F) Precipitação do material amplificado e Purificado; G) Reação de sequenciamento e H) Sequenciamento. Após obter-se a sequência do gene de interesse, os bancos de dados como NCBI, BOLDSsystems podem fornecer, através de comparações da sequências as aproximações genéticas entre o material pesquisado e o que há disponível no banco de dados.

Supostamente simples, de fácil execução e com alta confiabilidade, a escolha do marcador molecular adequado e os recursos financeiros são algumas das limitações para o desenvolvimento da identificação molecular, especialmente no Brasil, cujo investimento em ciência e tecnologia de ponta ainda é precário e os laboratórios, em sua grande maioria, alocados em instituições de ensino públicas, fazem ciência em péssimas condições (ESCOBAR, 2017).

O que aparentemente pode ser uma excelente alternativa para suprir a necessidade de taxonomistas, pode recair em problemas secundários como o alto custo das análises e a inadequação dos rótulos taxonômicos nas bases de dados moleculares (KVIST, 2015), devido ao desconhecimento da biodiversidade genética das populações edáficas, deixando os pesquisadores sempre “entre a cruz e a espada” na hora de projetar pesquisas nesta área. Por outro lado, diversos estudos demonstram que técnicas refinadas de sequenciamento como pirosequenciamento e a utilização conjunta de marcadores moleculares (nucleares ou mitocondriais) são ferramentas eficazes na identificação de espécies crípticas (HUANG et al., 2007; METZKER, 2010; VIRGILIO et al., 2012; DECAËNS et al., 2013a; VELEZ-ZUAZO et al., 2015; MARTIN; ADAMOWICZ; COTTENIE, 2016; GEISEN; BONKOWSKI, 2017).

Diversos marcadores moleculares tem sido apontados como ferramentas úteis na identificação de diversos grupos da fauna (THOMSEN; WILLERSLEV, 2015; JANION-SCHEEPERS et al., 2016; SANTOS et al., 2017; JERATTHITIKUL; BANTAOWONG;

PANHA, 2017; TIEDE et al, 2017), além do monitoramento dos grupos da fauna. A determinação da viabilidade genética das populações é fundamental para estabelecer programas de conservação, especialmente por fornecer parâmetros de erosão genética em populações com número de indivíduos reduzidos, ameaçados de extinção ou em vias de extinção (MONAGHAN et al., 2005; PANSU et al., 2015; BOSSART; ANTWI, 2016).

Os marcadores moleculares podem ser utilizados em conjunto ou isoladamente, dependendo da finalidade da pesquisa a ser realizada e podem ser divididos em nucleares ou mitocondriais. Alguns exemplos de marcadores moleculares são: Polimorfismo no Comprimento dos Fragmentos de Restrição (RFLP), Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados (AFLP), Sequências Simples Repetidas" - "Simple Sequence Repeats" ou "Microsatélites" (SSR) e por fim o DNA Barcode.

Cada marcador possui suas potencialidades e suas finalidades. Na presente tese a abordagem será mais voltada acerca do DNA Barcode, que se apresenta como uma ferramenta bastante promissora no que diz respeito a simplicidade e eficácia de uso. O DNA Barcode proposto por HEBERT et al. (2003), consiste em uma técnica rápida e eficiente para identificação que utiliza sequências de aproximadamente 650 pares de bases de DNA mitocondrial, que é uma região altamente conservada e que pode ser rotineiramente amplificada por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e posteriormente sequenciada (AJMAL ALI et al., 2014) .

O DNA Barcode utiliza um limiar das taxas de variação intra-específica e inter específica capaz de delimitar os indivíduos não identificados de suas espécies, chamado de “barcoding gap” como uma forma de testar a eficiência do método na identificação de novas espécies (COLLINS; CRUICKSHANK, 2014), embora com muitas críticas, o estabelecimento de um “marcador universal” é invariavelmente impossível, uma vez que as taxas de variação intra e interespecíficas são multifatoriais e cada taxa precisa de uma determinação específica.

Além disso o DNA Barcode não pode ser utilizado unicamente para discriminar as espécies, apenas para delimitar “unidades moleculares taxonômicas operacionais” ('MOTUs') e quando as MOTUs são delimitados com uma margem de confiança adequada, considera-se que a análise foi efetiva. No entanto, toda essa interpretação ainda é muito subjetiva e alvo de muitas críticas por parte de alguns pesquisadores, especialmente por não respeitar a plasticidade genéticas do DNA, que se adapta e se reconstrói em um processo dinâmico e intermitente, por isso o “barcoding gap” continua sendo utilizado para endossar a confiabilidade da análise (CASIRAGHI et al., 2015; McFADDEN et al., 2017).

1.3 ARANHAS (Araneae, Arachnida)

Dentre os grupos da fauna do solo, as aranhas constituem uma importante parcela, dado o papel que desempenham nos ecossistemas terrestres. A ordem Araneae está dividida em três infraordens: Mesothelae, Mygalomorphae e Araneomorphae, sendo a primeira infraordem a única que não possui representantes neotropicais (BRESCOVIT et al., 2011). As aranhas, dentre os artrópodes, são a ordem taxonômica com maior sucesso evolutivo depois dos insetos (Insecta) e globalmente contam hoje com aproximadamente 42.000 espécies descritas, distribuídas em 110 famílias (BRESCOVIT; OLIVEIRA; SANTOS, 2011).

As aranhas são erroneamente confundidas com insetos pela maior parte da população, e, enquanto os insetos possuem uma infinidade de hábitos alimentares, as aranhas apresentam um único modo alimentar, o “predador”, além das diferenças morfológicas como quatro pares de apêndices locomotores, o que difere dos insetos que apresentam apenas três, outras diferenças tais como, aparelho digestório, ocular etc. Essa característica lhes confere uma importante função nos ecossistemas terrestres e por que não dizer nas áreas urbanas também, que é o controle biológico. Estes organismos são capazes de regular as populações de outros organismos (KWON et al., 2014).

Além disso as aranhas são indicadores ecológicos das modificações nas populações de outros organismos (MGOBOZI; SOMERS; DIPPENAAR-SCHOEMAN, 2008) e também são reportadas como indicadores de alterações climáticas (SAUPE et al., 2011). Desta forma, a avaliação da biodiversidade de aranhas em áreas com algum nível de intervenção antrópica pode ser uma alternativa para o monitoramento de impactos ambientais em diversas escalas (LAFAGE; PÉTILLON, 2014; LIU et al., 2015a; LÓPEZ-BAUCELLS et al., 2017).

A profusão de estratégias de vida destes organismos confere múltiplas inter-relações entre fauna e flora adjacente às comunidades, em outras palavras, a flora de um determinado local pode determinar o padrão de distribuição (agregada ou dispersa) de insetos, estes serão potenciais presas para as aranhas, o que fará com que elas construam suas teias ou refúgios no solo, para se estabelecerem. Contudo, alterações na estrutura vegetal, como colheita, aplicação de pesticidas para controle de fungos ou insetos praga, pode reduzir no nicho alimentar das aranhas, reduzindo sua população a níveis drásticos (MANTYKA-PRINGLE et al., 2015).

Esse mecanismo já foi relatado por PICCHI et al. (2016b) ao estudarem espécies de aranhas em olivais, que predam moscas (Díptera: Tephritidae) e que danificavam a produção de azeitonas no Mediterrâneo. Esse mesmo efeito também foi verificado em olivais por CARDENAS et al. (2015). Algumas espécies ainda necessitam da arquitetura de galhos e folhas

para construir armadilhas para captura de presas, por isso a manutenção da cobertura vegetal no solo é de extrema importância.

A manutenção dos resíduos vegetais em áreas de produção agrícola é desejável pela proteção que estes conferem ao solo e, invariavelmente os organismos do solo também acabam forrageando a interface solo-serapilheira, principalmente os envolvidos no processo de decomposição da cobertura vegetal morta, que posteriormente serão predados pelas aranhas (PICCHI et al., 2016; CARDENAS et al., 2015).

Outro fator importante a se considerar é a dependência das aranhas a um ambiente estável do ponto de vista ecológico. Por outro lado, algumas famílias podem se adaptar a ambientes com alto nível de intervenção antrópica, como Pholcidae e Theridiidae estudadas na zona urbana de Chilpancingo, Guerrero, México (RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ; SOLÍS-CATALÁN; VALDEZ-MONDRAGÓN, 2015).

Outro fator subjacente como limitação química do solo pode interferir na diversidade da composição vegetal e por conseguinte na redução do potencial de presas para as aranhas como reportado por YOLANDA BIZUET-FLORES et al. (2015) ao avaliarem aranhas no deserto do México. Outros fatores como clima também podem influenciar a flutuação populacional de aranhas, como demonstrado por RICKERS; LANGEL; SCHEU, (2006) e MICHALKO et al. (2017), ao verificarem o efeito das temperaturas no mecanismo presa-predador, concluindo que o período de baixas temperaturas pode reduzir o número de presas devido ao período de diapausa, e levar a declínios nas comunidades de aranhas.

Nos balanços populacionais o aumento e declínio do número de indivíduos são comuns em regiões onde o clima durante o inverno apresenta temperaturas mais baixas. Dessa maneira, a sazonalidade é um efeito que precisa ser considerado durante os processos de levantamento ou monitoramento da araneofauna. No estado de Santa Catarina esse efeito está presente, especialmente durante o inverno onde as temperaturas pode chegar a -14°C na região serrana (EPAGRI/CIRAM, 2011).

Além do clima as composições vegetais do estado de Santa Catarina são distintas em função dos gradientes de clima, relevo e tipo de solo (VIBRANS et al., 2010) e esse conjunto de condições criam habitats distintos, condicionando as comunidades de aranhas. Se por um lado o conhecimento das fitofisionomias é bem esclarecido, o mesmo não acontece com a composição de aranhas edáficas, que conta com um único inventário de aranhas, de forma isolada, na região Oeste (São Miguel do Oeste) publicado em periódico indexado (PREUSS & LUCAS, 2012). Desta forma, faz-se necessário estudos que abranjam a diversidade destes organismos nas diversas condições de clima, solo e composição vegetal.

1.4 MINHOCAS (Annelida: Oligochaeta)

As minhocas são consideradas engenheiros do ecossistema (SINGH; SINGH; VIG, 2016), pois promovem uma série de modificações físicas no solo, tais como incorporação de material orgânico nas camadas superficiais do solo, manutenção da fertilidade do solo, disponibilização de fósforo, estabilidade de agregados do solo, melhoria nas propriedades hidráulicas do perfil de solo (FONTE; BARRIOS; SIX, 2010; EIJSACKERS, 2011; SYLVAIN; WALL, 2011; VOS et al., 2014; ZHANG et al., 2016; LUBBERS; PULLEMAN; VAN GROENIGEN, 2017).

Por executarem funções consideradas essenciais para qualidade do solo, especialmente dos solos agrícolas, as minhocas são benéficas e importantes indicadoras de modificações nos ecossistemas terrestres, particularmente por responderem de forma rápida às perturbações físicas e químicas do solo (FRANCO et al., 2016). Por apresentarem essas características, comumente são utilizadas como organismos padrão para ensaios ecotoxicológicos em laboratório (NAHMANI; HODSON; BLACK, 2007; SHANG et al., 2013).

No Brasil acredita-se que há aproximadamente 336 espécies das 1013 conhecidas na América Latina (BARTZ et al., 2014a). O conhecimento sobre minhocas no Brasil ainda é relativamente pequeno, principalmente pelo baixo número de taxonomistas deste grupo, acredita-se que haja apenas dois em toda América do Sul. Diversos esforços têm sido demandados no levantamento das espécies nos últimos anos, no entanto em Santa Catarina há até o presente momento, um único estudo envolvendo esse táxon, trata-se da avaliação da riqueza de minhocas em locais com crescente nível de intervenção antrópica em duas regiões catarinenses (Oeste e Planalto) (BARTZ et al., 2014a).

Esse desconhecimento da diversidade de minhocas não é isolado, e ocorre de forma global em todos os táxons e neste sentido, alguns trabalhos têm demonstrado a eficiência de ferramentas da biologia molecular para facilitar e agilizar a descrição (CHANG; LIN; CHEN, 2008; CHANG; ROUGERIE; CHEN, 2009; DUPONT, 2009; PÉREZ-LOSADA et al., 2012; TAN et al., 2012; ORGIAZZI et al., 2015). No entanto, como já apontado anteriormente as limitações financeiras e tecnológicas ainda são as principais barreiras no desenvolvimento de pesquisas envolvendo biologia molecular no Brasil.

Tendo isso posto, os poucos estudos envolvendo minhocas apenas relatam a presença deste táxon no solo, em nível taxonômico de Ordem (Oligochaeta), auxiliando minimamente na compreensão da presença delas em determinada área. Por outro lado, as minhocas organizam-se em guildas ecológicas de acordo com seus hábitos alimentares e posição que

habitam no perfil do solo, atualmente são classificadas de acordo com BOUCHÉ, (1977) em três categorias: A) Epigeicas que habitam a camada superficial (0-10cm) do solo, podem ser encontradas em bromélias e solos suspensos; B) Endogeicas as minhocas que habitam horizontes mais profundos do solo (10-40cm) e constroem galerias semipermanentes e C) Anécicas que são as minhocas que habitam horizontes ainda mais profundos que as endogeicas (abaixo de 40 cm de profundidade) e constroem galerias verticais, subindo até a superfície para se alimentar.

Desta forma, o tipo de cobertura vegetal pode interferir nas comunidades de minhocas. A serapilheira em áreas naturais e os resíduos culturais em áreas agrícolas além de proteger o solo, passam pelo processo de decomposição, que exerce forte influência nos fluxos de energia no solo. As minhocas, principalmente epigeicas incorporam o material orgânico no solo, estimulando a atividade microbiana (decomposição) e as interações tróficas dentro do ecossistema solo. Essas inter-relações podem ser afetadas devido às práticas de manejo agrícola e portanto, carecem de especial atenção.

O manejo de áreas agricultáveis pode ser benéfico para algumas espécies de minhocas endogeicas, como o plantio direto com o mínimo revolvimento do solo (KUNTZ et al., 2013). Em Santa Catarina em um estudo conduzido por BARTZ et al. (2014a), encontraram maiores densidades de minhocas em locais sob manejo de plantio direto em comparação com áreas com floresta nativa, reflorestamento de eucalipto, pastagem e integração lavoura-pecuária. Entretanto sistemas de uso mais intensivos como plantio convencional e cultivo mínimo que preconizam o revolvimento do solo, reduzem drasticamente as populações de minhocas (PULLEMAN et al., 2012; CRITTENDEN et al., 2014; CRITTENDEN & DE GOEDE, 2016; PELOSI et al., 2017).

Embora para algumas categorias ecológicas de minhocas o sistema de uso do solo pouco interfere em sua distribuição, estrutura da comunidade, por outro lado algumas espécies são bastante sensíveis ao manejo e por isso podem indicar níveis de intensificação de uso a partir da presença/ausência em determinadas áreas e constituir uma importante ferramenta no monitoramento da qualidade do solo BARTZ; PASINI; BROWN, (2013) encontraram *Urobenus brasiliensis* (Glossoscolecidae) somente em áreas de floresta nativa inferindo desta forma que essa espécie necessita de condições estáveis do ponto de vista ambiental para seu desenvolvimento. Já BARTZ et al. (2012) encontraram *U. brasiliensis* em áreas de PD e concluíram que estes usos preservam esta espécie por serem sustentáveis, com bons teores de MO e cobertura do solo e mínimo revolvimento.

Contudo, programas de monitoramento da fauna edáfica são inexistentes no Estado de Santa Catarina e a normatização dessa modalidade de atividade ainda não é completamente reconhecida, contando com apenas uma resolução no País (Resolução 420/2009 CONAMA) que trata da qualidade do solo que não abrange o quesito fauna do solo. Aliado a isso as limitações amostrais ainda não são totalmente conhecidas, restando aos pesquisadores a dúvida de quantas amostras coletar para criar programas de monitoramento da sustentabilidade de áreas agrícolas.

2 ESTRUTURA DA TESE

Como os organismos edáficos são responsáveis por uma série de processos essenciais para a manutenção da qualidade do solo e a crescente demanda de alimentos tem gerado a necessidade de exploração dos recursos naturais para maior produtividade de locais destinados para produção agrícola, podendo reduzir dramaticamente a diversidade e riqueza da fauna edáfica, elaboramos uma tese envolvendo quatro regiões no Estado de Santa Catarina (Leste, Oeste, Planalto e Sul) que conta com poucos estudos envolvendo fauna do solo, especialmente com diversidade de aranhas e genética de minhocas visando minimizar esta lacuna.

Essa barreira encontrada na conservação da biodiversidade em função do desconhecimento das espécies e/ou morfoespécies, aliado aos atributos físicos e químicos podem constituir fatores condicionantes para o estabelecimento das populações de aranhas e minhocas bem como o que é necessário melhorar para a conservação de sua biodiversidade.

2.1 HIPÓTESES

- As taxas de variação gênica intra e interespecífica podem determinar gradientes biogeográficos para o estabelecimento das populações de minhocas (Oligochaetas), que são indicadores de qualidade do solo;

- A intensificação do uso do solo pode selecionar determinadas espécies de aranhas e minhocas enquanto os sistemas conservacionistas de uso e manejo do solo podem favorecer a riqueza e diversidade de aranhas e minhocas;

- Certas espécies e/ou suas populações apresentam potencial para serem utilizadas como indicadoras da qualidade do solo e para discriminar sistemas de uso e manejo do solo sob níveis de intervenção antrópica;

- Os métodos de amostragem através de monólitos ou armadilhas de queda possuem potenciais distintos de captura da fauna do solo;

- Existe relação entre as variáveis ambientais explicativas do solo (físicas e químicas) e a abundância de aranhas;

- O número de amostras necessárias para se capturar pelo menos 60% da riqueza de minhocas e aranhas é subestimada na maior parte dos trabalhos publicados até hoje.

2.2.1 Objetivo geral

- Estudar a diversidade de aranhas e diversidade genética de minhocas em sistemas de uso do solo em quatro regiões (Oeste Planalto Leste e Sul) do Estado de Santa Catarina

2.2.2 Apresentação dos capítulos

Capítulo 1 – Vasculhando no solo: Onde está o Barcode Gap das minhocas brasileiras?

Este primeiro capítulo se propõe a responder algumas questões acerca das vantagens e desvantagens da identificação molecular de minhocas, suas potencialidades e limitações em relação a identificação através de caracteres morfológicos. Neste sentido o **objetivo** foi identificar populações de minhocas do Estado de Santa Catarina com base no código de barras molecular.

Capítulo 2 - Aranhas (Arachnida: Araneae) em sistemas de uso do solo no Oeste de Santa Catarina.

Aqui apresentamos como algumas variáveis químicas e físicas do solo que são importantes para explicar os padrões de distribuição de aranhas na região Oeste do Estado de Santa Catarina. Esse olhar macro sobre um conjunto de dados bastante diverso, permite fazer inferências importantes sobre esse táxon que é de extrema importância para os ecossistemas terrestres. **Objetivo:** foi avaliar a diversidade de aranhas no solo em função de um gradiente de intensidade de uso em sistemas de uso do solo (SUS) na região Oeste do Estado de Santa Catarina.

Capítulo 3 - Diversidade de aranhas edáficas em sistemas de uso e manejo do solo na região do Planalto sul catarinense, Brasil.

O presente capítulo revela como a diversidade de famílias de aranhas pode responder de forma distinta às variações das condições de uso e manejo do solo, aliado a isso, responde questões sobre a necessidade da avaliação conjunta de atributos físicos e químicos do solo como condicionantes nos padrões de diversidade em níveis crescentes de antropização. Apresenta em uma análise estatística robusta e capaz de indicar famílias que possuem fortes potencialidades na indicação de ambientes conservados ou antropizados na região do Planalto Sul de Santa Catarina.

Objetivo: Estudar o efeito do sistema de uso do solo (SUS) sobre a abundância e diversidade das famílias de aranhas edáficas, bem como a relação dessas com atributos físicos e químicos do solo.

Capítulo 4 - Aranhas (Arachnida: Araneae) em floresta nativa, reflorestamento de eucalipto, pastagem perene, integração lavoura-pecuária e plantio direto no Leste catarinense

A capacidade de dispersão e estabelecimento das diferentes famílias de aranhas são, aparentemente distintas e condicionadas pelo tipo de vegetação que compõem determinado sistema, além das variáveis físicas e químicas do solo, o histórico de uso pode contribuir para compreender os processos de colonização dos ambientes agrícolas pelas aranhas.

Objetivo: Demonstrar como locais de produção agrícola como plantio direto, integração lavoura pecuária, locais de pastagem perene, florestas plantadas podem condicionar algumas famílias de aranhas, quando comparadas à floresta nativa na região Leste do Estado de Santa Catarina.

Capítulo 5 - A intensificação do uso do solo pode afetar a biodiversidade de aranhas?

As aranhas são organismos capazes de colonizar muitos ambientes, desde os locais fortemente antropizados como áreas de produção agrícola, até locais com alta competição por recursos como floresta nativa, contudo a estrutura das comunidades de aranhas podem alterar em níveis crescentes de intensificação do uso do solo.

Objetivo: Verificar como a biodiversidade de famílias de aranhas edáficas pode ser afetada pela intensificação do uso do solo na região sul catarinense, utilizando dois métodos de amostragem.

Capítulo 6 - Quantas amostras coletar são necessárias para avaliação de minhocas e aranhas edáficas em sistemas de uso do solo subtropicais?

A maior dúvida na condução de pesquisas envolvendo organismos edáficos, reside em: Quantas amostras são necessárias para avaliar determinada população da fauna do solo? Os desdobramentos de um experimento conduzido de forma inadequada podem subestimar ou superestimar a riqueza e diversidade de certas populações, de acordo com o número de amostras coletadas.

Objetivo: Demonstrar quantas amostras são necessárias para avaliação de minhocas e aranhas edáficas em sistemas de uso do solo com crescente nível de intervenção antrópica no Estado de Santa Catarina.

REFERÊNCIAS

ABEL, G. J. et al. Meeting the Sustainable Development Goals leads to lower world population growth. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 113, n. 50, p. 14294–14299, 2016.

ADHIKARI, K.; HARTEMINK, A. E. Linking soils to ecosystem services — A global review. **Geoderma**, v. 262, p. 101–111, 2016.

- AJMAL ALI, M. et al. The changing epitome of species identification – DNA barcoding. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 21, n. 3, p. 204–231, 2014.
- ANGHINONI, G., et al. Within cropping season changes in soil physical properties under no-till in Southern Brazil. **Soil & Tillage Research**, v.166, p. 108-112, 2017.
- BALDISSERA, R. et al. Landscape mosaic of Araucaria forest and forest monocultures influencing understorey spider assemblages in southern Brazil. **Austral Ecology**, v. 33, n. 1, p. 45–54, 2008.
- BARSOUM, N. et al. Forest Ecology and Management Ground-dwelling spider (Araneae) and carabid beetle (Coleoptera : Carabidae) community assemblages in mixed and monoculture stands of oak (*Quercus robur* L ./ *Quercus petraea* (Matt .) Liebl .) and Scots pine (*Pinus sylv.* **Forest Ecology and Management**, v. 321, p. 29–41, 2014.
- BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014a.
- BARTZ, M. L. C. et al. The influence of land use systems on soil and surface litter fauna in the western region of Santa Catarina. **Revista Ciência Agronômica**, v. 5, p. 880–887, 2014b.
- BARTZ, M. L. C.; PASINI, A.; BROWN, G. G. Earthworms as soil quality indicators in Brazilian no-tillage systems. **Applied Soil Ecology**, v. 69, p. 39–48, 2013.
- BENVENUTI, S.; BRETZEL, F. Agro-biodiversity restoration using wildflowers: What is the appropriate weed management for their long-term sustainability? **Ecological Engineering**, v. 102, p. 519–526, 2017.
- BERTRAND, M. et al. Earthworm services for cropping systems. A review. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 35, n. 2, p. 553–567, 2015.
- BORDONAL, R. DE O. et al. Changes in quantity and quality of soil carbon due to the land-use conversion to sugarcane (*Saccharum officinarum*) plantation in southern Brazil. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 240, p. 54–65, 2017.
- BOSSART, J. L.; ANTWI, J. B. Limited erosion of genetic and species diversity from small forest patches: Sacred forest groves in an Afrotropical biodiversity hotspot have high conservation value for butterflies. **Biological Conservation**, v. 198, p. 122–134, 2016.
- BOTTINELLI, N. et al. Why is the influence of soil macrofauna on soil structure only considered by soil ecologists? **Soil and Tillage Research**, v. 146, n. PA, p. 118–124, 2015.
- BRENNAN, E. B.; ACOSTA-MARTINEZ, V. Cover cropping frequency is the main driver of soil microbial changes during six years of organic vegetable production. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 109, p. 188–204, 2017.
- BRESCOVIT, A. D.; OLIVEIRA, U. DE; SANTOS, A. J. DOS. Aranhas (Araneae, Arachnida) do Estado de São Paulo, Brasil: diversidade, esforço amostral e estado do conhecimento. **Biota Neotropica**, v. 11, p. 717–747, dez. 2011.
- CALZOLARI, C. et al. A methodological framework to assess the multiple contributions of soils to ecosystem services delivery at regional scale. **Geoderma**, v. 261, p. 190–203, 2016.

- CARDENAS, M. et al. The Spider Assemblage of Olive Groves Under Three Management Systems. **Environmental Entomology**, v. 44, n. 3, p. 509–518, 1 jun. 2015.
- CASIRAGHI, M. et al. DNA barcoding: a six-question tour to improve users' awareness about the method. v.11, p. 440-453, 2010.
- CHANG, C. H.; LIN, S. M.; CHEN, J. H. Molecular systematics and phylogeography of the gigantic earthworms of the *Metaphire formosae* species group (Clitellata, Megascolecidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 49, n. 3, p. 958–968, 2008.
- CHANG, C. H.; ROUGERIE, R.; CHEN, J. H. Identifying earthworms through DNA barcodes: Pitfalls and promise. **Pedobiologia**, v. 52, n. 3, p. 171–180, 2009.
- CHEN, C. et al. Effects of rubber-based agroforestry systems on soil aggregation and associated soil organic carbon: Implications for land use. **Geoderma**, v. 299, p. 13–24, 2017.
- CHEN, G.; WEIL, R. R.; HILL, R. L. Effects of compaction and cover crops on soil least limiting water range and air permeability. **Soil and Tillage Research**, v. 136, p. 61–69, 2014.
- COLLINS, R. A.; CRUICKSHANK, R. H. Known knowns, known unknowns, unknown unknowns and unknown knowns in DNA barcoding: a comment on Dowton et al. **Systematic Biology**, v. 63, n. 6, p. 1–13, 2014.
- CRITTENDEN, S. J. et al. Effect of tillage on earthworms over short- and medium-term in conventional and organic farming. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 140–148, 2014.
- CRITTENDEN, S. J.; DE GOEDE, R. G. M. Integrating soil physical and biological properties in contrasting tillage systems in organic and conventional farming. **European Journal of Soil Biology**, v. 77, p. 26–33, 2016.
- DAL FERRO, N. et al. Soil macro- and microstructure as affected by different tillage systems and their effects on maize root growth. **Soil and Tillage Research**, v. 140, p. 55–65, 2014.
- DECAËNS, T. et al. Potential of DNA barcoding for earthworm research in taxonomy and ecology. **Applied Soil Ecology**, v. 65, p. 35–42, 2013.
- DI LONARDO, D. P. et al. Priming of soil organic matter: Chemical structure of added compounds is more important than the energy content. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 108, p. 41–54, 2017.
- DIAZ-BALTEIRO, L. et al. Selecting the best forest management alternative by aggregating ecosystem services indicators over time: A case study in central Spain. **Ecological Indicators**, v. 72, p. 322–329, 2017.
- DONG, W. et al. Impact of no tillage vs. conventional tillage on the soil bacterial community structure in a winter wheat cropping succession in northern China. **European Journal of Soil Biology**, v. 80, p. 35–42, 2017.
- DUPONT, L. Perspectives on the application of molecular genetics to earthworm ecology. **Pedobiologia**, v. 52, n. 3, p. 191–205, 2009.

DUVAL, M. E. et al. Analysis of organic fractions as indicators of soil quality under natural and cultivated systems. **Soil and Tillage Research**, v. 131, p. 11–19, 2013.

EIJSACKERS, H. Earthworms as colonizers of natural and cultivated soil environments. **Applied Soil Ecology**, v. 50, n. 1, p. 1–13, 2011.

EPAGRI/CIRAM. **EPAGRI/CIRAM**. Disponível em:

<http://ciram.epagri.sc.gov.br/index.php?option=com_content&view=article&id=140&Itemid=364>. Acesso em: 27 abr. 2017.

ESCOBAR, H. Facing “doomsday” scenario, scientists consider fleeing Brazil. **Science**, 23 jan. 2017.

FINN, D. et al. Microbial energy and matter transformation in agricultural soils. **Soil Biology and Biochemistry**, 2017.

FONTE, S. J.; BARRIOS, E.; SIX, J. Earthworms, soil fertility and aggregate-associated soil organic matter dynamics in the Quesungual agroforestry system. **Geoderma**, v. 155, n. 3–4, p. 320–328, 2010.

FRANCO, A. L. C. et al. Loss of soil (macro)fauna due to the expansion of Brazilian sugarcane acreage. **Science of The Total Environment**, v. 563, p. 160–168, 2016.

FREITAS, R. E.; MENDONÇA, M. A. A.; LOPES, G. DE O. **Expansão de área agrícola: perfil e desigualdade entre as mesorregiões brasileiras** (Rogério Edivaldo Freitas, Marco Aurélio Alves de Mendonça, Geovane de Oliveira Lopes, Eds.) BrasíliaBRASIL, , 2014. Disponível em: <http://www.ipea.gov.br/agencia/images/stories/PDFs/TDs/td_1926.pdf>. Acesso em: 23 abr. 2017

GASPARATOS, A. et al. Renewable energy and biodiversity: Implications for transitioning to a Green Economy. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 70, p. 161–184, 2017.

GEISEN, S. BONKOWSKI, M. Methodological advances to study the diversity of soil protists and their functioning in soil food webs. **Applied Soil Ecology**, *no prelo*, 2017.

HEBB, C. et al. Soil physical quality varies among contrasting land uses in Northern Prairie regions. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 240, p. 14–23, 2017.

HEBERT, P.D.N. et al. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings. Biological sciences / The Royal Society**, v. 270, n. 1512, p. 313–21, 2003.

HUANG, J.J. et al. Identifying earthworms through DNA barcodes. **Pedobiologia**, v. 51, n. 4, p. 301–309, 2007.

JANION-SCHEEPERS, C. et al. Soil biota in a megadiverse country: Current knowledge and future research directions in South Africa. **Pedobiologia**, v. 59, n. 3, p. 129–174, 2016.

JERATTHITIKUL, E.; BANTAOWONG, U.; PANHA, S. DNA barcoding of the Thai species of terrestrial earthworms in the genera *Amyntas* and *Metaphire* (Haplotaxida: Megascolecidae). **European Journal of Soil Biology**, v.81, p.39-47, 2017.

JIANG, Y.; YIN, X.; WANG, F. The influence of litter mixing on decomposition and soil fauna assemblages in a *Pinus koraiensis* mixed broad-leaved forest of the Changbai Mountains, China. **European Journal of Soil Biology**, v. 55, p. 28–39, 2013a.

JIMÉNEZ, J. J. et al. Short-range spatial variability of soil physico-chemical variables related to earthworm clustering in a neotropical gallery forest. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 43, n. 5, p. 1071–1080, 2011.

KEITH, A. M.; ROBINSON, D. A. Earthworms as Natural Capital : Ecosystem Service Providers in Agricultural Soils. **Economology Journal**, v. II, n. January, p. 91–99, 2012.

KITONYO, O. M. et al. Evaluation of historic Australian wheat varieties reveals increased grain yield and changes in senescence patterns but limited adaptation to tillage systems. **Field Crops Research**, v. 206, p. 65–73, 2017.

KOVÁCS-HOSTYÁNSZKIA, A. et al. Earthworms, spiders and bees as indicators of habitat quality and management in a low-input farming region - A whole farm approach. **Ecological Indicators**, v. 33, p. 111–120, 2013.

KUNTZ, M. et al. Influence of reduced tillage on earthworm and microbial communities under organic arable farming. **Pedobiologia**, v. 56, n. 4, p. 251–260, 2013.

KVIST, S. Does a global DNA barcoding gap exist in Annelida? **Mitochondrial DNA**, v. 1736, p. 1–12, 2015.

KWON, T.-S. et al. Prediction of abundance of forest spiders according to climate warming in South Korea. **Journal of Asia-Pacific Biodiversity**, v. 7, n. 2, p. e133–e155, 2014.

LAFAGE, D.; PÉTILLON, J. Impact of cutting date on carabids and spiders in a wet meadow. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 185, p. 1–8, 2014.

LAVELLE, P.; MOREIRA, F.; SPAIN, A. Biodiversity: Conserving Biodiversity in Agroecosystems. v. 2, p. 41–60, 2014.

LIU, S. et al. Spider foraging strategies dominate pest suppression in organic tea plantations. **BioControl**, v. 60, n. 6, p. 839–847, 2015.

LIU, S. et al. Cascading effects of spiders on a forest-floor food web in the face of environmental change. **Basic and Applied Ecology**, v. 17, n. 6, p. 527–534, 2016.

LÓPEZ-BAUCELLS, A. et al. Evaluating the use of *Myotis daubentonii* as an ecological indicator in Mediterranean riparian habitats. **Ecological Indicators**, v. 74, p. 19–27, 2017.

LUBBERS, I. M.; PULLEMAN, M. M.; VAN GROENIGEN, J. W. Can earthworms simultaneously enhance decomposition and stabilization of plant residue carbon? **Soil Biology and Biochemistry**, v. 105, p. 12–24, 2017.

LYTTLE, A. et al. Impact of Exotic Earthworms on Organic Carbon Sorption on Mineral Surfaces and Soil Carbon Inventories in a Northern Hardwood Forest. **Ecosystems**, v. 18, n. 1, p. 16–29, 20 jan. 2015.

MARINHO, M. A. et al. Depth distribution of soil organic carbon in an Oxisol under different land uses: Stratification indices and multifractal analysis. **Geoderma**, v. 287, p. 126–134, 2017.

MARTIN, G. K.; ADAMOWICZ, S. J.; COTTENIE, K. Taxonomic resolution based on DNA barcoding affects environmental signal in metacommunity structure. v. 35, n. October 2015, 2016.

McFADDEN, C. et al. Species boundaries in the absence of morphological, ecological or geographical differentiation in the Red Sea octocoral genus *Ovabunda* (Alcyonacea: Xeniidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v.112, p. 174-184, 2017.

METZKER, M. L. Sequencing technologies - the next generation. **Nature reviews. Genetics**, v. 11, n. 1, p. 31–46, 2010.

MGOBOZI, M. P.; SOMERS, M. J.; DIPPENAAR-SCHOEMAN, A. S. Spider responses to alien plant invasion: the effect of short- and long-term *Chromolaena odorata* invasion and management. **Journal of Applied Ecology**, v. 45, n. 4, jun. 2008.

MICHALKO, R. et al. The effect of increased habitat complexity and density-dependent non-consumptive interference on pest suppression by winter-active spiders. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 242, p. 26–33, 2017.

MITCHELL, J. P. et al. Cover cropping and no-tillage improve soil health in an arid irrigated cropping system in California's San Joaquin Valley, USA. **Soil and Tillage Research**, v. 165, p. 325–335, 2017.

MONAGHAN, M. T. et al. DNA-based species delineation in tropical beetles using mitochondrial and nuclear markers. **Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences**, v. 360, n. September, p. 1925–1933, 2005.

MORAES, M. C. P. DE; MELLO, K. DE; TOPPA, R. H. Protected areas and agricultural expansion: Biodiversity conservation versus economic growth in the Southeast of Brazil. **Journal of Environmental Management**, v. 188, p. 73–84, 2017.

MORRIËN, E. et al. Soil networks become more connected and take up more carbon as nature restoration progresses. **Nature Communications**, v. 8, p. 14349, 8 fev. 2017.

MUELLER, K. E. et al. Light, earthworms, and soil resources as predictors of diversity of 10 soil invertebrate groups across monocultures of 14 tree species. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 92, p. 184–198, 2016.

NAHMANI, J.; HODSON, M. E.; BLACK, S. A review of studies performed to assess metal uptake by earthworms. **Environmental Pollution**, v. 145, n. 2, p. 402–424, 2007.

NEGASA, T. et al. Variation in soil properties under different land use types managed by smallholder farmers along the toposequence in southern Ethiopia. **Geoderma**, v. 290, p. 40–50, 2017.

ORGIAZZI, A. et al. Soil biodiversity and DNA barcodes: Opportunities and challenges. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 80, p. 244–250, 2015.

PANSU, J. et al. Landscape-scale distribution patterns of earthworms inferred from soil DNA. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 83, p. 100–105, 2015.

PELOSI, C.; GRANDEAU, G.; CAPOWIEZ, Y. Temporal dynamics of earthworm-related macroporosity in tilled and non-tilled cropping systems. **Geoderma**, v. 289, p. 169–177, 2017.

PÉREZ-LOSADA, M. et al. Taxonomic assessment of Lumbricidae (Oligochaeta) earthworm genera using DNA barcodes. **European Journal of Soil Biology**, v. 48, p. 41–47, 2012.

PICCHI, M. S. et al. Effects of local and landscape factors on spiders and olive fruit flies. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 222, p. 138–147, abr. 2016.

POMPEO, P. N. et al. Fauna e sua relação com atributos edáficos em Lages, Santa Catarina – Brasil Fauna and its relation to edaphic attributes in Lages, Santa Catarina – Brazil. p. 42–51, 2016a.

POMPEO, P. N. et al. Diversidade de coleoptera (Arthropoda: Insecta) e atributos edáficos em sistemas de uso do solo no planalto catarinense. **Scientia Agraria**, v. 17, n. 1, 13 out. 2016b.

PREITI, G. et al. Soil loss measure from Mediterranean arable cropping systems: Effects of rotation and tillage system on C-factor. **Soil and Tillage Research**, v. 170, p. 85–93, 2017.

PREUSS, J. F.; LUCAS, E. M. Diversidade de aranhas (Arachnida, Araneae) em um fragmento de floresta estacional decidual, extremo oeste de Santa Catarina, Brasil. **Unoesc & Ciência – ACBS**, v. 3, n. 1, p. 37-46, . 2011

PULLEMAN, M. et al. Soil biodiversity , biological indicators and soil ecosystem services — an overview of European approaches Ce. **Environmental Sustainability**, v. 4, n. October, p. 529–538, 2012.

RAMOS-MERCHANTE, A.; PRENDA, J. Macroinvertebrate taxa richness uncertainty and kick sampling in the establishment of Mediterranean rivers ecological status. **Ecological Indicators**, v. 72, p. 1–12, 2017.

REIS, F. et al. The use of a functional approach as surrogate of Collembola species richness in European perennial crops and forests. **Ecological Indicators**, v. 61, p. 676–682, 2016.

RICKERS, S.; LANGEL, R.; SCHEU, S. Stable isotope analyses document intraguild predation in wolf spiders (Araneae: Lycosidae) and underline beneficial effects of alternative prey and microhabitat structure on intraguild prey survival. **Oikos**, v. 114, n. 3, p. 471–478, set. 2006.

RIZO-PATRÓN V., F. et al. Macroinvertebrate communities as bioindicators of water quality in conventional and organic irrigated rice fields in Guanacaste, Costa Rica. **Ecological Indicators**, v. 29, p. 68–78, 2013.

RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ, S. E.; SOLÍS-CATALÁN, K. P.; VALDEZ-MONDRAGÓN, A. Diversity and seasonal abundance of anthropogenic spiders (Arachnida: Araneae) in different urban zones of the city of Chilpancingo, Guerrero, Mexico. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 86, n. 4, p. 962–971, 2015.

ROSA, M. G. DA et al. Macrofauna edáfica e atributos físicos e Químicos em sistemas de uso do solo no Planalto catarinense. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 39, p. 1544–1553, 2015.

SANTORUFO, L. et al. Soil invertebrates as bioindicators of urban soil quality. **Environmental Pollution**, v. 161, p. 57–63, 2012.

SANTOS, S. S. et al. Soil DNA Extraction Procedure Influences Protist 18S rRNA Gene Community Profiling Outcome. **Protist**, 2017.

SAUPE, E. E. et al. Tracking a Medically Important Spider: Climate Change, Ecological Niche Modeling, and the Brown Recluse (*Loxosceles reclusa*). **PLoS ONE**, v. 6, n. 3, p. e17731, 25 mar. 2011.

SCHMIDT, O.; CURRY, J. P. Population dynamics of earthworms (Lumbricidae) and their role in nitrogen turnover in wheat and wheat-clover cropping systems. **Pedobiologia**, v. 45, n. 2, p. 174–187, 2001.

SHANG, H. et al. Bioaccumulation of PCDD/Fs, PCBs and PBDEs by earthworms in field soils of an E-waste dismantling area in China. **Environment International**, v. 54, p. 50–58, 2013.

SINGH, S.; SINGH, J.; VIG, A.P. Earthworm as ecological engineers to change the physico-chemical properties of soil: Soil vs vermicast. **Ecological Engineering**. v.90, p.1-5, 2016.

SLESACK, R.A. et al. Changes in soil physical and chemical properties following organic matter removal and compaction: 20-year response of the aspen Lake-States Long Term Soil Productivity installations. **Forest Ecology and Management**, v. 392, p. 68–77, maio 2017.

SOUZA, S. T. DE et al. Abundance and Diversity of Soil Macrofauna in Native Forest, Eucalyptus Plantations, Perennial Pasture, Integrated Crop-Livestock, and No-Tillage Cropping. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.40, p. 1–14, 2016.

STEFFEN, G. P. K. et al. Importância ecológica e ambiental das minhocas. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n. 2, p. 137–147, 2013.

SYLVAIN, Z. A.; WALL, D. H. Linking soil biodiversity and vegetation: Implications for a changing planet. **American Journal of Botany**, v. 98, n. 3, p. 517–527, 2011.

TAN, J. et al. Assessment of Four Molecular Markers as Potential DNA Barcodes for Red Algae *Kappaphycus* Doty and *Eucheuma* J. Agardh (Solieriaceae, Rhodophyta). **PLoS ONE**, v. 7, n. 12, 2012.

TAO, H.-H. et al. Effects of soil management practices on soil fauna feeding activity in an Indonesian oil palm plantation. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 218, p. 133–140, 2016.

TIEDE, Y. et al. Ants as indicators of environmental change and ecosystem processes. **Ecological Indicators**, *no prelo*, 2017.

- THOMSEN, P. F.; WILLERSLEV, E. Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. **Biological Conservation**, v. 183, p. 4–18, 2015.
- TRABAQUINI, K. et al. Soil, land use time, and sustainable intensification of agriculture in the Brazilian Cerrado region. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 189, n. 2, p. 70, 23 fev. 2017.
- TU, C. et al. Effect of experimental warming on soil respiration under conventional tillage and no-tillage farmland in the North China Plain. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 16, n. 4, p. 967–979, 2017.
- UNTENECKER, J. et al. Tracking changes in the land use, management and drainage status of organic soils as indicators of the effectiveness of mitigation strategies for climate change. **Ecological Indicators**, v. 72, p. 459–472, 2017.
- VAN DER WAL, A.; DE BOER, W. Dinner in the dark: Illuminating drivers of soil organic matter decomposition. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 105, p. 45–48, 2017.
- VELÁSQUEZ, E. et al. Soil macrofauna-mediated impacts of plant species composition on soil functioning in Amazonian pastures. **Applied Soil Ecology**, v. 56, p. 43–50, 2012.
- VELEZ-ZUAZO, X. et al. What barcode sequencing reveals about the shark fishery in Peru. **Fisheries Research**, v. 161, p. 34–41, 2015.
- VIBRANS, A. C. et al. Inventário florístico florestal de Santa Catarina (IFFSC): aspectos metodológicos e operacionais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 64, p. 291–302, 2010.
- VIRGILIO, M. et al. Identifying insects with incomplete DNA barcode libraries, African fruit flies (Diptera: Tephritidae) as a test case. **PLoS ONE**, v. 7, n. 2, 2012.
- VOS, H. M. J. et al. Do earthworms affect phosphorus availability to grass? A pot experiment. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 79, p. 34–42, 2014.
- WANG, J. et al. Conversion of rainforest into agroforestry and monoculture plantation in China: Consequences for soil phosphorus forms and microbial community. **Science of The Total Environment**, v. 595, p. 769–778, 2017.
- WANG, X. et al. Soil aggregation and the stabilization of organic carbon as affected by erosion and deposition. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 72, p. 55–65, 2014.
- XIAO, W. et al. Interactions of soil particulate organic matter chemistry and microbial community composition mediating carbon mineralization in karst soils. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 107, p. 85–93, 2017.
- YOLANDA BIZUET-FLORES, M. et al. Diversity patterns of ground dwelling spiders (Arachnida: Araneae) in five prevailing plant communities of the Cuatro Ciénegas Basin, Coahuila, Mexico. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 86, n. 1, p. 153–163, 2015.
- ZHANG, W. et al. Effect of earthworms and arbuscular mycorrhizal fungi on the microbial community and maize growth under salt stress. **Applied Soil Ecology**, v. 107, p. 214–223, 2016.

ZHONG, X. et al. Physical protection by soil aggregates stabilizes soil organic carbon under simulated N deposition in a subtropical forest of China. **Geoderma**, v. 285, p. 323–332, 2017.

CAPÍTULO 1 – VASCULHANDO NO SOLO: ONDE ESTÁ O BARCODE GAP DAS MINHOCAS BRASILEIRAS?

RESUMO

As minhocas são engenheiros do ecossistema, capazes de promover mudanças estruturais substanciais ao longo do perfil do solo, e conhecer a sua biodiversidade é importante para estabelecer estratégias de manejo do solo que visem a conservação. O DNA Barcode apresenta-se como uma alternativa à identificação de diversos táxons, especialmente de invertebrados. No entanto no Brasil os trabalhos envolvendo a referida técnica para organismos do solo ainda são incipientes. O presente trabalho objetivou verificar o potencial do DNA Barcode para identificação de espécies de minhocas em comparação ao método morfológico assim como, analisar as relações filogenéticas das populações de minhocas no Estado de Santa Catarina, Brasil. Os indivíduos foram capturados nas regiões Oeste, Planalto, Leste e Sul, utilizando o método *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF). Cada região foi composta de três municípios, totalizando 12 municípios, em cinco Sistemas de Uso do solo (SUS). Ao todo foram obtidas 146 sequências COI (consenso) que foram identificadas através do banco de dados do Barcode of Life (BOLD) distribuídas em sete famílias distintas: Acanthodrilidae, Megascolecidae, Rhinodrilidae, Lumbricidae, Ocnerodrilidae, Eudrilidae e Glossoscolecidae. A determinação do Barcode Gap foi limitada devido a sobreposição entre as taxas de variação intra e interespecíficas. Posteriormente, submeteu-se a análise Neighbour-Joining, máxima verossimilhança e inferência bayesiana para determinar as relações filogenéticas entre os diferentes táxons. Houve monofilia para as famílias Acanthodrilidae, Megascolecidae e Rhinodrilidae e parafilia para a espécie *Amyntas gracilis*. O DNA Barcode apresentou-se parcialmente apto para identificação das minhocas encontradas, recomendamos que além da utilização do gene COI, haja inclusão de pelo menos um marcador nuclear, a fim de minimizar os aparentes problemas de sobreposição do Barcode Gap. Além disso, a análise morfológica não pode ser descartada totalmente, necessitando ser utilizada conjuntamente com as ferramentas moleculares.

Palavras chave: biologia do solo 1; oligochaeta 2; biodiversidade 3.

ABSTRACT

Earthworms are engineers of the ecosystem, capable of promoting substantial structural changes along the soil profile, and knowing their biodiversity is important for establishing soil management strategies for conservation. The DNA Barcode is presented as an alternative to the identification of several taxa, especially invertebrates; however, in Brazil works involving this technique for soil organisms are still incipient. The present work aimed to verify the potential of the Barcode DNA for the identification of earthworm species in comparison to the morphological method as well as to analyze the phylogenetic relationships of the earthworm populations in the State of Santa Catarina, Brazil. The individuals were captured in the regions (West, Plateau, East and South) using the *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) method. Each region was composed of three municipalities, totaling 12 municipalities, in five Land Use Systems (SUS). A total of 146 COI sequences (consensus) were identified through the Barcode of Life (BOLD) database distributed in seven distinct families: Acanthodrilidae, Megascolecidae, Rhinodrilidae, Lumbricidae, Ocnerodrilidae, Eudrilidae and Glossoscolecidae. The determination of the Barcode Gap was limited due to the overlap between intra and interspecific rates of variation. Subsequently, Neighbor-Joining analysis, maximum likelihood and Bayesian inference were determined to determine the phylogenetic relationships between the different taxa. We found monophyly for the families Acanthodrilidae, Megascolecidae and Rhinodrilidae and paraphyly for the species *Amyntas gracilis*. The DNA Barcode was partially apt to identify the earthworms found in our samplings. However, we recommend that in addition to the use of the COI gene, there should be at least one nuclear marker in order to minimize the apparent overlapping problems of the Barcode Gap, and morphological analysis cannot be totally ruled out and needs to be used together with molecular tools.

Keywords: soil biology 1; oligochaeta 2; biodiversity 3.

1.1 INTRODUÇÃO

As minhocas são importantes engenheiros do ecossistema, capazes de promover mudanças estruturais substanciais ao longo do perfil do solo, dentre elas, pode-se citar a formação de estruturas biogênicas, aumento da porosidade total e aumento da fertilidade química (LAVELLE, 1998). A promoção das alterações no solo pelas minhocas depende basicamente da fisiologia, hábitos alimentares e comportamento (BOUCHÉ, 1977, *apud* LEE,

1985; HENDRIX & BOHLEN, 2002; SMITH et al., 2008) sendo estas divididas em três grupos ecológicos: epigeicas, habitando as camadas mais superficiais do solo e alimentando-se da serapilheira; anécicas, que transitam verticalmente no solo e incorporam resíduos vegetais ao longo do perfil e endogeicas, que são espécies que se alimentam basicamente na rizosfera das plantas, cavando tuneis no interior do solo (BOUCHE, 1977; SMITH et al., 2008).

Embora a comunidade científica já tenha conhecimento de muitos aspectos ecológicos de espécies mais frequentes de minhocas estima-se que apenas 3700 espécies foram descritas até o presente momento (DECAËNS et al., 2013) das 6000 espécies de Oligochaeta terrestres estimadas (REYNOLDS & COOK, 1976; FRAGOSO et al., 1997; DECAENS et al., 2013). Estima-se que o Brasil seja um dos países com maior diversidade de minhocas do mundo. No entanto algumas limitações à identificação e classificação desse grupo têm estado em evidência. Por outro lado o desconhecimento de praticamente 40% da biodiversidade traz à tona outra discussão de extrema relevância. A esse respeito, o impedimento taxonômico para a identificação da biodiversidade, caracterizado basicamente pela falta de incentivos na formação de profissionais capacitados para essa função tem dificultado os avanços no campo da classificação, descrição e identificação de novas espécies (DECAËNS et al., 2013).

A taxonomia clássica utiliza características morfológicas internas e externas para identificação das espécies de minhocas, especialmente órgãos reprodutivos como clitelo, poros masculinos e femininos, sacos testiculares, espermatecas e disposição das cerdas (CHANG & JAMES, 2011; LANG et al., 2012) exigindo, desta forma, que sejam organismos adultos e inteiros, o que nem sempre ocorre nas condições de campo. No entanto, a avaliação das características morfológicas exige um alto nível de treinamento por parte do taxonomista, além do tempo dispendido necessário para identificação cautelosa de cada estrutura.

A taxonomia clássica é sem dúvida a forma mais difundida desde os primórdios da zoologia, no entanto, com o advento da biologia molecular, muitos avanços foram alcançados. Marcadores moleculares têm se mostrando eficientes no propósito de diagnosticar novas espécies de diversos grupos taxonômicos (HUANG et al., 2007; BLAGOEV et al., 2009; SHARMA e SATYANARAYAN, 2011; PANG et al., 2012; PÉREZ-LOSADA et al., 2012; TAN et al., 2012).

Os marcadores mais utilizados para o estudo de populações são microsatélites, RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e RAPD (*Random Amplification of Polymorphic DNA*), no entanto nos últimos anos muito têm se discutido sobre a utilização do DNA Barcode para o estudo das relações filogenéticas e de populações de invertebrados. O DNA Barcode proposto por HERBERT et al. (2003) consiste em uma técnica rápida e eficiente para

identificação padronizada que utiliza sequencias de aproximadamente 648 pares de bases que podem ser rotineiramente amplificadas por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e posteriormente sequenciadas (AJMAL ALI et al., 2014).

O DNA Barcode utiliza um limiar das taxas de variação intra-específica e inter-específica capaz de delimitar os indivíduos não identificados de suas espécies, chamado de “barcoding gap” como uma forma de testar a eficiência do método na identificação de novas espécies (COLLINS e CRUICKSHANK, 2014). Embora com muitas críticas, o estabelecimento de um “barcoding gap” universal é invariavelmente impossível, uma vez que as taxas de variação intra e interespecíficas são multifatoriais e cada taxa precisa de uma determinação específica. Alvo de muitas críticas por parte de alguns pesquisadores o “barcoding gap” continua sendo utilizado para endossar a confiabilidade da análise (FERNANDES et al., 2017; GRZYWACZ; WYBORSKA; PIWCZYŃSKI, 2017; PARACCHINI et al., 2017; YI et al., 2017).

Contudo a identificação das espécies é um quesito fundamental para a preservação da biodiversidade, além disso devemos orientar práticas de uso e manejo do solo capazes de impactar em menor escala a estrutura das comunidades de Oligochaeta (ORGIAZZI et al., 2015). Pensando nisso, o presente trabalho objetivou verificar a existência de um barcoding gap nas populações de minhocas em sistemas de uso do solo (SUS) de quatro regiões (Oeste, Planalto, Leste e Sul) do Estado de Santa Catarina, assim como contrastar os resultados da identificação morfológica com a identificação molecular utilizando a metodologia DNA Barcode.

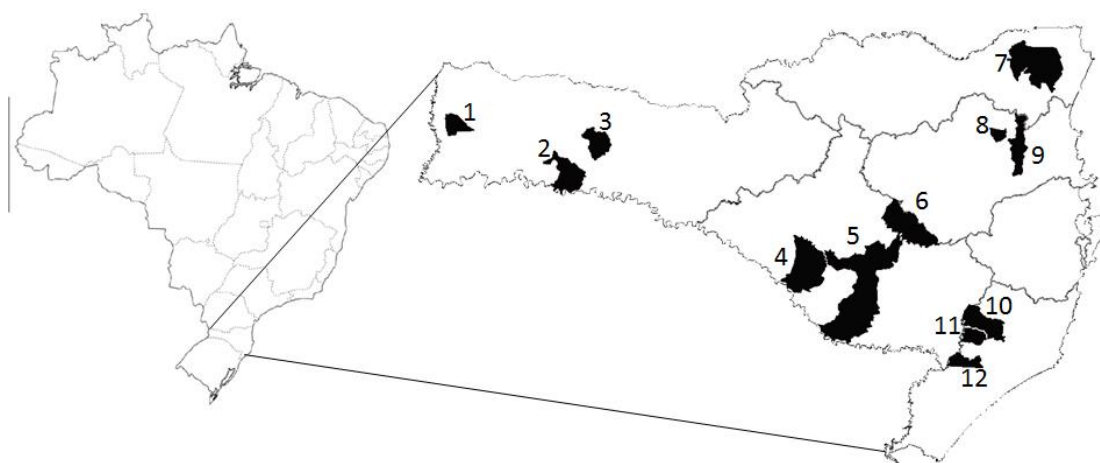
1.2 MATERIAL E MÉTODOS

1.2.1 Amostragens das minhocas

Um total de 170 indivíduos foi coletado no período entre junho e julho de 2011 e dezembro e janeiro de 2012, em quatro regiões do Estado de Santa Catarina (Oeste, Planalto, Leste e Sul). Em cada região foram selecionados de três municípios, totalizando 12 municípios, (Oeste: São Miguel do Oeste, Chapecó, Xanxerê; Planalto: Otacílio Costa, Lages, Campo Belo do Sul; Leste: Joinville, Blumenau, Timbó; Sul: Orleans, Siderópolis e Lauro Muller). Os SUS avaliados foram: floresta nativa (FN) reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema de plantio direto (PD) (Figura 1.1). As amostragens foram realizadas seguindo o método qualitativo descrito por BARTZ et al. (2014) que consiste na abertura de pequenas trincheiras de forma aleatórias na área a ser amostrada. Os indivíduos

capturados foram levados ao Laboratório de Solos da UDESC/CEO onde foram fixados em álcool 90% e identificados morfológicamente conforme sua maturidade sexual em morfotipos e posteriormente submetido à etapa de identificação molecular. Outras informações sobre a descrição, histórico, manejo e solos dos SUS avaliados podem ser obtidos em BARTZ et al. (2014); ROSA et al. (2015); SOUZA et al. (2015) e no Anexo 1.

Figura 1.1 - Municípios de coleta dos indivíduos. Oeste (1 a 3): São Miguel do Oeste; 2: Chapecó; 3: Xanxerê; Planalto: (4 a 6) 4: Campo Belo do Sul; 5: Lages; 6: Otacílio Costa; Leste (7 a 9) 7: Joinville; 8: Timbó; 9: Blumenau; Sul (10 a 12) 10:Lauro Muller; 11: Orleans; 12: Siderópolis.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

1.2.2 Extração do DNA, amplificação e sequenciamento

As amostras de minhocas usadas para extração genômica foram obtidas do tecido muscular próximo à parte anterior e homogeneizadas com micro espátula. O DNA foi extraído seguindo o protocolo do kit comercial DNeasy blood and tissue® (Qiagen) para a amplificação foram utilizados os primers LCO1409 e LCO2198 (FOLMER et al., 1994). As amplificações da reação em cadeia da polimerase (PCR) foram realizadas em um total de 25µL, sendo 2,5 µL de PCR buffer (10x), 0,8 µL de MgCl₂ (50 mM), 2,5 µL de dNTP (2,5 mM), 1,25 µL de cada primer (10µM), 0,6 µL de Taq Polimerase, 11,1 µL de H₂O e 5 µL de DNA em termociclador com a seguinte programação: 94°C por 3 minutos. 40 ciclos de 94 °C por 30 s., 50 °C por 45s, 72 °C por 60s, finalizando com um ciclo de 72 °C por 10 minutos.

Para fins de conferência efetuou-se eletroforese em gel de agarose a 1% dos amplicons (COI subunidade I). Evidenciando-se o fragmento de interesse, os amplicons foram purificados, utilizando as enzimas exonuclease I (0,33 μL a 4000 μ) e fosfatase alcalina (0,33 μl a 1000 μ) (EXO/SAP) juntamente com dNTP (0,34 μl a 2,5 μM) constituindo um mastermix, em seguida adicionaram-se os amplicons (10 μL a 10ng/ μL) ao mastermix perfazendo um volume total de 11 μL , em um termociclador utilizou-se o seguinte programa 37 °C por 67 min., 85 °C por 15 min.

Após purificadas as amostras foram submetidas à reação de sequenciamento, preparando-se duas reações por amostra, uma para cada primer iniciador (0.5 μL a 10 μM), BigDye Terminator® (1,0 μl a 2 ng/ml), SaveMoney (2,0 μl a 2 ng/ml) (Mg^{+2} e Tris HCl) e o segundo com a mesma composição, excetuando-se o primer que neste, inclui-se o Reverse (0,5 μL 10 μM). Após foi adicionado 3 μL de amplicons purificados, com o seguinte programa: 30 ciclos de 96 °C por 1 min., 96 °C por 15 S., 48 °C por 20 S., 60 °C por 1 min.

Posteriormente todas as amostras foram submetidas a purificação por acetato de amônio 7,5M (2 μL), H_2O milliQ (10 μL) e etanol absoluto (66 μL) totalizando 78 μL por tubo para cada primer iniciador e armazenados em freezer a -20 °C por 15 minutos e centrifugados por 30 minutos a 13000 RPM. O sobrenadante foi descartado e adicionaram-se 100 μL de etanol 70 % os tubos foram postos na centrífuga por 25 minutos a 13.000 rpm e novamente vertidos em papel toalha, para a total evaporação do etanol, em temperatura ambiente (25°C) até o dia seguinte. Os tubos foram, então fechados envolvidos em papel alumínio e mantidos sob refrigeração (-20 °C) onde foram encaminhados para o sequenciamento em sequenciador da Applied Biosystems 3500 Series® no Departamento de Bioquímica da Universidade Federal do Paraná em Curitiba, PR.

1.2.3 Análises genéticas

As seqüências consenso foram obtidas e editadas com base na congruência com a seqüência complemento no programa Staden Package (STADEN et al., 2000) e posteriormente, alinhadas através do programa Clustal X usando a configuração padrão (LARKIN et al., 2007). A distância genética foi calculada através do Mega 6.0 (TAMURA et al., 2011), a partir disso, determinou-se o Barcode Gap utilizando o pacote “Spider” (BROWN et al., 2012) (Figura 2). Os modelos de substituição nucleotídica apropriado para os métodos de máxima verossimilhança (ML) e inferência bayesiana (IB), foram determinados a partir o programa jModelTest 0.1 (POSADA, 2008) com aplicação do critério de correção de Akaike. As

distâncias genéticas entre os Clados foram estimadas no MEGA 6.0 (TAMURA et al., 2007) utilizando o modelo de Kimura-2-parâmetros.

O cálculo da neighbor-joining (NJ) usou-se o Paup*4b10 (Sunderland, 2003) com 1000 replicatas de bootstrap. As árvores de máxima verossimilhança foram geradas a partir do RaxML (STAMATAKIS, 2014). Para a hipótese de inferência filogenética utilizou-se o critério BPP, com o MrBayes 3.2.2. (RONQUIST et al., 2012) com o algoritmo MCMCMCM (*Metropolis Coupled Markov Chain Monte Carlo*). Realizaram-se duas execuções simultâneas usando a configuração padrão com oito cadeias para cada 108 gerações salvando uma árvore a cada 2000000 de gerações e 10% das árvores geradas foram descartadas (valores de *Burn in*). Amostragem completa foi analisada utilizando critério ML sem particionamento e todas as topologias de árvores foram enraizadas. Usamos Bootstrapp não paramétrico (FELSENSTEIN, 1985) para avaliar o suporte de ramo na análise de parcimônia e de distância.

1.2.4 Análises morfológicas

As minhocas coletadas nos diferentes sistemas de uso e manejo do solo foram identificadas morfológicamente pela taxonomista Dr^a Marie Bartz no Laboratório de Solos e Sustentabilidade da Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC Oeste até o maior nível taxonômico possível. Quando as estruturas estavam incompletas no caso de indivíduos juvenis a identificação se deu em nível de morfo espécies (Tabela 1) para identificação utilizou-se chaves dicotômicas descritas por Righi (1984) e Michaelsen (1900) entre outras quando necessário.

1.3 RESULTADOS

1.3.1 DNA Barcode para a identificação de espécies.

Foram obtidas 170 sequências do gene COI, das quais 146 apresentaram mais de 500 pares de bases (85,8%) e foram utilizadas para as análises filogenéticas. Do total de indivíduos identificados utilizando a metodologia DNA Barcode, 68 sequências (40 %) indicaram identificação em nível específico quando submetidas ao banco de dados do BOLD. A maior parte, 78 sequências (45,8% das sequências), foi composta de identificação em nível de gênero, consistindo em potenciais espécies novas que ainda carecem de estudos envolvendo outros marcadores. 104 sequências foram identificadas com sucesso e outras 42 sequências apresentaram divergências entre a identificação molecular e a identificação morfológica e foram grifadas na Tabela 1.

Tabela 1.1 Resultado da identificação molecular através do DNA Barcode e identificação morfológica. Nos sistemas de uso do solo (SUS) floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura pecuária (ILP) e plantio direto (PD) nos municípios (Mun.) de Xanxerê (XAN); São Miguel do Oeste (SMO); Chapecó (XAP); Campo Belo do Sul (CBS); Lages (STS); Otacílio Costa (OTC); Timbó (TIM); Joinville (JOI); Blumenau (BLU); Orleans (ORL); Lauro Müller (LAU); Siderópolis (SID). Maturidade (Mat); Juvenis (j); Subadultos (s) e Adultos (a). Divergências de identificação estão grifadas em negrito.

Análise Molecular (Citocromo Oxidase Subunidade 1 - COI)					Análise Morfológica				
AMOSTRA	Família	Gênero	Espécie	Ident. (%)	Gênero	Espécie	Mat	SUS	Mun.
EWSC1.01	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,50	Urobenus	Urobenus sp.	J	FN	XAN
EWSC1.02	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,48	Urobenus	Urobenus sp	j	FN	XAN
EWSC1.03	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	s	RE	XAN
EWSC1.04	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	Urobenus	Urobenus sp	j	RE	XAN
EWSC1.05	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,07	Urobenus	Urobenus sp	j	RE	XAN
EWSC1.07	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	94,78	Fimoscolex	sp.4	s	RE	XAN
EWSC1.08	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	94,56	Fimoscolex	sp.4	j	RE	XAN
EWSC1.09	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	94,78	Fimoscolex	sp.4	j	RE	XAN
EWSC1.11	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	87,53	Glossoscolex	sp.5	a	PA	XAN
EWSC1.12	Lumbricidae	<i>Bimastos</i>	<i>parvus</i>	100,00	<i>Bimastus</i>	<i>parvus</i>	a	PA	XAN
EWSC1.13	Lumbricidae	Bimastos	parvus	100,00	<i>Bimastus</i>	<i>parvus</i>	a	PA	XAN

EWSC1.14	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	87,53	Glossoscolex	sp.5	a	ILP	XAN
EWSC1.17	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	87,76	Glossoscolex	sp.5	j	ILP	XAN
EWSC1.21	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	85,03	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	PD	XAN
EWSC1.22	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,54	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	s	PD	XAN
EWSC1.23	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,54	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	J	PD	XAN
EWSC1.24	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,54	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	J	PD	XAN
EWSC1.25	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	100,00	Eukeria		j	PD	XAN
EWSC1.26	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	100,00	Eukeria		j	PD	XAN
EWSC1.27	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	84,81	Fimoscolex	sp.3	a	FN	SMO
EWSC1.28	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	99,77	Fimoscolex	sp.3	s	FN	SMO
EWSC1.30	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	94,99	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	FN	SMO
EWSC1.31	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95	morfo sp1	<i>Urobenus</i> sp	j	FN	SMO
EWSC1.32	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,88	morfo sp1	<i>Urobenus</i> sp	j	FN	SMO
EWSC1.33	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	RE	SMO
EWSC1.34	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	RE	SMO
EWSC1.35	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	sp.	j	RE	SMO
EWSC1.36	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	sp.	j	RE	SMO
EWSC1.37	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	100,00	Fimoscolex	sp.3	a	RE	SMO
EWSC1.38	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	84,35	Fimoscolex	sp.3	a	RE	SMO
EWSC1.39	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	84,81	Morfo sp5	Fimoscolex sp3	j	RE	SMO
EWSC1.40	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	85,03	Fimoscolex	sp.3	a	PA	SMO

EWSC1.41	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	85,03	Fimoscolex	sp.3	a	PA	SMO
EWSC1.45	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	ILP	SMO
EWSC1.46	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	ILP	SMO
EWSC1.47	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	96,62	morfo sp1	<i>Urobenus</i> sp	j	ILP	SMO
EWSC1.48	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	96,62	morfo sp1	<i>Urobenus</i> sp	j	ILP	SMO
EWSC1.49	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	82,99	Fimoscolex	sp.3	s	ILP	SMO
EWSC1.53	Acanthodrilidae	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	89,64	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	j	ILP	SMO
EWSC1.54	Acanthodrilidae	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	89,64	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	j	ILP	SMO
EWSC1.55	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	94,82	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	PD	SMO
EWSC1.56	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	PD	SMO
EWSC1.57	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,26	morfo sp1	<i>Urobenus</i> Sp	j	PD	SMO
EWSC1.58	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,05	morfo sp1	<i>Urobenus</i> Sp	j	PD	SMO
EWSC1.60	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	83,22	Fimoscolex	sp.3	a	PD	SMO
EWSC1.61	Lumbricidae	Lumbricus	sp.	83,45	Fimoscolex	sp.3	j	PD	SMO
EWSC1.63	Acanthodrilidae	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	89,64	<i>Microscolex</i>	<i>Dubius</i>	a	PD	SMO
EWSC1.64	Acanthodrilidae	<i>Microscolex</i>	<i>phosphoreus</i>	92,12	<i>Microscolex</i>	<i>Dubius</i>	a	PD	SMO
EWSC1.65	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	92,79	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	FN	XAP
EWSC1.66	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,54	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	FN	XAP
EWSC1.67	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,99	morfo sp1	<i>Urobenus</i> Sp	j	FN	XAP
EWSC1.68	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,27	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	RE	XAP

EWSC1.69	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,54	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	a	RE	XAP
EWSC1.70	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,77	morfo sp1	Urobenus Sp	j	RE	XAP
EWSC1.71	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,77	morfo sp1	Urobenus Sp	j	RE	XAP
EWSC1.73	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	85,81	Glossoscolex	sp.7	s	RE	XAP
EWSC1.74	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp.	85,59	Glossoscolex	sp.7	s	RE	XAP
EWSC1.78	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	100,00	Eukeria	n.sp.1	j	PA	XAP
EWSC1.80	Acanthodrilidae	<i>Dichogaster</i>	<i>bolau</i>	100,00	<i>Dichogaster</i>	<i>gracilis</i>	a	PA	XAP
EWSC1.86	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	99,55	Ocnerodrilidae	sp.1	s	ILP	XAP
EWSC1.92	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>gracilis</i>	100,00	<i>Bimastus</i>	<i>parvus</i>	j	ILP	XAP
EWSC2.02	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	94,72	Urobenus	sp.	a	PD	XAP
EWSC2.03	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,72	Urobenus	sp.	a	PD	XAP
EWSC2.04	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,72	Urobenus	sp.1	i	PD	XAP
EWSC2.05	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	95,7	Urobenus	sp.1	i	PD	XAP
EWSC2.07	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,02	Urobenus	sp.1	a	FN	XAP
EWSC2.08	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	89,46	Urobenus	sp.2	j	FN	XAP
EWSC2.09	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	90,41	Urobenus	sp.3	j	FN	XAP
EWSC2.12	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	96,37	Morfo sp 18	Juvenil	j	RE	CBS
EWSC2.13	Glossoscolecidae	Glossoscolex		87,84	Glossoscolex	sp.1	a	RE	CBS
EWSC2.14	Glossoscolecidae	Glossoscolex		87,84	Glossoscolex	sp.1	a	RE	CBS
EWSC2.15	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	85,84	Glossoscolex	sp.1	j	RE	CBS
EWSC2.16	Glossoscolecidae	Glossoscolex		87,84	Glossoscolex	sp.1	j	RE	CBS

EWSC2.17	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,6	Glossoscolecidae	juv	j	RE	CBS
EWSC2.18	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	85,92	Eukerria	n.sp.1	s	RE	CBS
EWSC2.19	Lumbricidae	<i>Aporrectodea</i>	<i>trapezoides</i>	85,75	Eukerria	n.sp.1	s	RE	CBS
EWSC2.20	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,6	Andiorrhinus	sp.3	j	RE	CBS
EWSC2.23	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 315 SJ	87,76	Fimoscolex	sp.1	a	PA	CBS
EWSC2.24	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 315 SJ	87,3	Fimoscolex	sp.1	j	PA	CBS
EWSC2.25	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 315 SJ	87,76	Fimoscolex	sp.1	j	PA	CBS
EWSC2.26	Lumbricidae	<i>Aporrectodea</i>	<i>trapezoides</i>	85,26	Eukerria	juvenil	s	PA	CBS
EWSC2.28	Lumbricidae	<i>Aporrectodea</i>	<i>trapezoides</i>	85,26	Eukerria	Juvenil	j	PA	CBS
EWSC2.29	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	85,92	Eukerrria	n.sp.1	a	ILP	CBS
EWSC2.30	Acanthodrilidae	Diplocardia	sp.	83,67	Eukerria	n.sp.2	s	ILP	CBS
EWSC2.33	Acanthodrilidae	<i>Diplocardia</i>	<i>bitheca</i>	96,6	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	a	ILP	CBS
EWSC2.34	Acanthodrilidae	<i>Diplocardia</i>	<i>bitheca</i>	96,6	<i>Microscolex</i>	<i>dubius</i>	J	ILP	CBS
EWSC2.36	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	85,92	Eukerria	n.sp.1	s	PD	CBS
EWSC2.53	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,37	Morfo sp23	and sp.1	j	FN	STS
EWSC2.55	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 315 SJ	87,3	Morfo sp24	? Juv 5	j	FN	STS
EWSC2.56	Rhinodrilidae	Andiorrhinus			Morfo sp25	? Juv6	j	FN	STS
EWSC2.64	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	86,04	Morfo sp27	Gsp4	j	RE	STS
EWSC2.65	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	86,04	Morfo sp27	Gsp4	j	RE	STS
EWSC2.66	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	87,3	Gsp4		a	PA	STS
EWSC2.67	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	86,94	Gsp4		a	PA	STS

EWSC2.68	Acanthodrilidae	Wegeneriona	sp.1	86,39	Haplodrilus	n.sp.1	a	PA	STS
EWSC2.70	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilus	sp.	86,62	Ocnerodrilidae	juvenil	j	PA	STS
EWSC2.78	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>gracilis</i>	100,00	<i>Amyntas</i>	juvenil	j	ILP	STS
EWSC2.81	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	86,04	Glossoscolecidae	sp.4	a	PD	STS
EWSC2.82	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	86,49	Glossoscolecidae	sp.4	j	PD	STS
EWSC2.83	Glossoscolecidae	Fimoscolex	315 SJ	86,04	Glossoscolecidae	sp.4	j	PD	STS
EWSC2.86	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 315 SJ	87,76	Glossoscolex	sp.4	j	PD	STS
EWSC2.87	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 315 SJ	87,76	Glossoscolex	sp.4	j	PD	STS
EWSC2.90	Rhinodrilidae	Urobenus	sp. 312 SJ	85,81	Urobenus	sp.	a	FN	OTC
EWSC2.92	Rhinodrilidae	Urobenus	sp. 312 SJ	85,81	Urobenus	sp.	a	FN	OTC
EWSC2.95	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	86,2	Glossocolecidae	sp.2	s	FN	OTC
EWSC3.01	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 317 SJ	85,03	Glossoscolecidae	sp.3	s	FN	OTC
EWSC3.02	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 317 SJ	85,03	Glossoscolecidae	sp.3	s	FN	OTC
EWSC3.03	Glossoscolecidae	Glossoscolex	sp. 317 SJ	85,03	Glossoscolecidae	sp.3	j	FN	OTC
EWSC3.04	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilidae		100,00	Glossoscolecidae	sp.3	j	FN	OTC
EWSC3.05	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	86,2	Glossoscolex	sp.6	s	FN	OTC
EWSC3.06	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		87,84	Glossoscolex	sp.6	s	FN	OTC
EWSC3.07	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,37	Glossoscolecidae	sp.3	j	FN	OTC
EWSC3.08	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,15	Andiorrhinus	sp.2	a	RE	OTC
EWSC3.09	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,15	Andiorrhinus	sp.2	a	RE	OTC
EWSC3.10	Rhinodrilidae	Andiorrhinus		96,15	Andiorrhinus	sp.2	j	RE	OTC

EWSC3.11	Rhinodrilidae	Andiorrhinus	sp.	85,88	Andiorrhinus	sp.2	j	RE	OTC
EWSC3.12	Megascolecidae	Amyntas	heteropodus	87,98	Glossoscolecidae	sp.3	a	ILP	OTC
EWSC3.20	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	84,7	Amyntas	juvenil	j	ILP	OTC
EWSC3.21	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	<i>Amyntas</i>	juvenil	j	ILP	OTC
EWSC3.23	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilidae		100,00	Eukerrria	n.sp.1	a	ILP	OTC
EWSC3.24	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilidae		100,00	Eukerrria	n.sp.1	j	ILP	OTC
EWSC3.34	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	Morfo sp21	amy sp	j	PD	OTC
EWSC3.35	Megascolecidae	<i>Metaphire</i>	<i>californica</i>	99	Morfo sp21	amy sp	j	PD	OTC
EWSC3.36	Megascolecidae	<i>Metaphire</i>	<i>californica</i>	100,00	Morfo sp21	amy sp	j	PD	OTC
EWSC3.40	Megascolecidae	Pleionogaster		83,67	Glossodrilus	n.sp.1	a	FN	JOI
EWSC3.49	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	<i>Amyntas</i>	juvenil	j	PA	JOI
EWSC3.77	Ocnerodrilidae	Ocnerodrilidae		100,00	Ocnerodrilidae	Juvenil	j	ILP	BLU
EWSC3.90	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	Megascolecidae	juvenil	j	RE	TIM
EWSC4.34	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	85,27	Glossocolex	sp.8	sa	FN	LAU
EWSC4.36	Glossoscolecidae	Fimoscolex	sp.	96,37	Fimoscolex	sp.5	a	FN	LAU
EWSC4.38	Eudrilidae	Polytoreutus	sp.	85,27	Glossocolecidae	sp.	a	FN	LAU
EWSC4.54	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>morrissi</i>	98,19	Megascolecidae	sp.1	a	ILP	LAU
EWSC4.56	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>morrissi</i>	100,00	Megascolecidae	sp.2	a	ILP	LAU
EWSC4.67	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	Megascolecidae	Juvenil	j	PD	LAU
EWSC4.69	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	88,66	<i>Urobenus</i>	sp	a	FN	SID
EWSC4.88	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	Megascolecidae	juvenil	j	ILP	SID

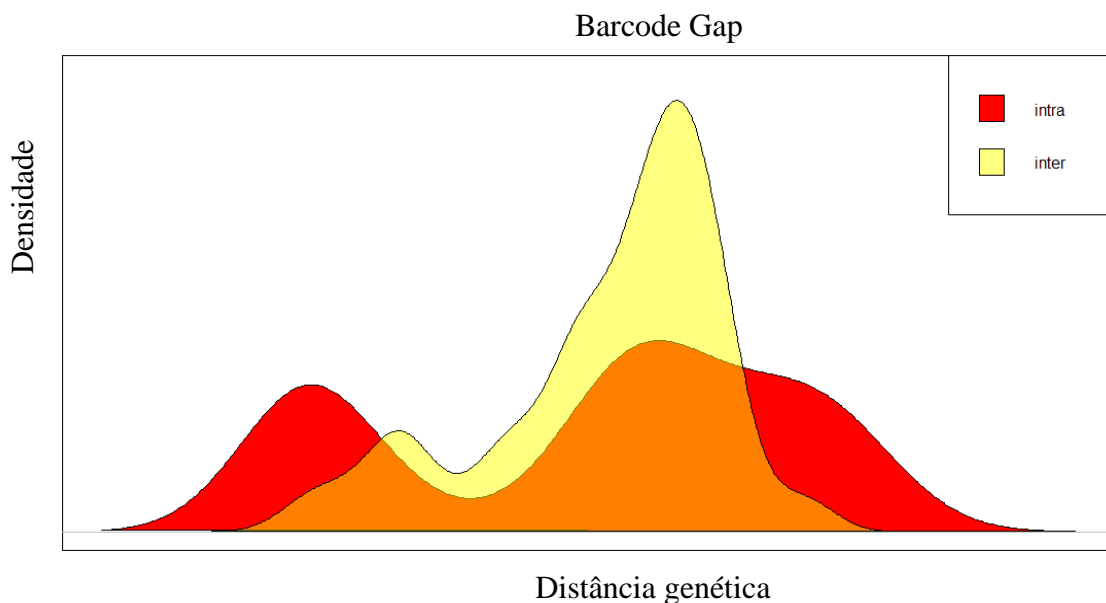
EWSC5.04	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>gracilis</i>	99,77	Megascolecidae	Exemplar 1	j	RE	JOI
EWSC5.07	Megascolecidae	<i>Amyntas</i>	<i>corticis</i>	100,00	Ni sp1	Exemplar 1	j	ILP	JOI
EWSC5.09	Megascolecidae	Pleionogaster		83,67	Amyntas	Exemplar 1	j	ILP	JOI
EWSC5.24	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	86,26	Ubra	Juv1	j	FN	ORL
EWSC5.25	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	86,26	Ubra	Juv2	j	FN	ORL
EWSC5.30	Acanthodrilidae	<i>Microscolex</i>	<i>phosphoreus</i>	94,59	juv	Ex1	j	PD	SID
EWSC5.32	Acanthodrilidae	<i>Microscolex</i>	<i>phosphoreus</i>	94,59	Micro sp1	Ex1	j	PD	LAU
EWSC5.36	Megascolecidae	Pleionogaster		83,67	Ocnerodrilidae	Novo Gênero	j	ILP	ORL
EWSC5.37	Rhinodrilidae	<i>Urobenus</i>	<i>brasiliensis</i>	88,51	Urobenus	sp.	j	FN	SID
EWSC5.38	Rhinodrilidae	Urobenus	sp.	83,78	Urobenus	sp.	j	FN	SID

Ao calcular as taxas de divergência (*p-distance*) entre as famílias (dados não apresentados), desconsiderando o local de amostragem encontramos valores semelhantes (~16%) aos encontrados por JAMES, (2012). No presente estudo, as divergências foram para as famílias. Megascolecidae 15%, Rhinodrilidae 13%, Lumbricidae 16%, Acanthodrilidae 17%, Glossoscolecidae 17%, Ocnerodrilidae 13% e Eudrilidae 16% σ 0,01 para as 7 famílias.

1.3.2 Determinação da variação intra e interespecífica: (Barcode GAP)

Para as 146 sequências a média geral das distâncias Kimura-2-Parameter foi de $2,63\% \pm 4$. O tamanho das sequências foi limitado a 500 pares de bases e estas foram utilizadas para o cálculo da variação das distâncias intra e interespecíficas. As distâncias variaram entre zero e 13,7%. A determinação do Barcode Gap apresentou sobreposição das taxas de variação intra e interespecífica quando calculadas de diversas formas (Figura 1.2).

Figura 1.2 Sobreposição das taxas de variação interespecíficas (Inter) e intraespecíficas (Intra) para o para minhocas (Oligoacheta:Haplotaxida) em Santa Catarina, independente da região e do sistema de uso.

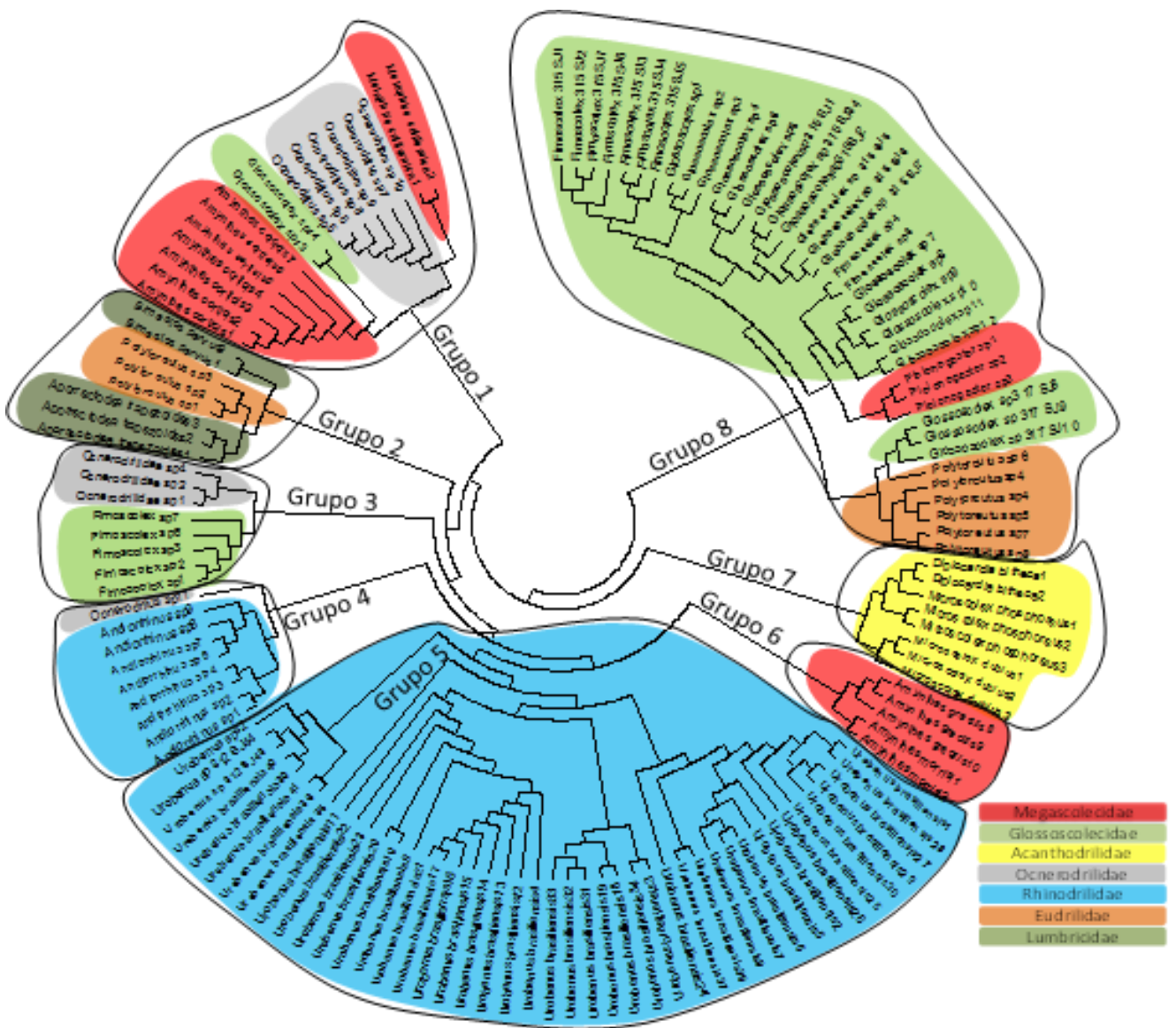


Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

A estimativa do modelo estatístico realizada pelo método de máxima verossimilhança (ML) apresentou suporte de ramo superior a 50%, demonstrando que o método ML (Figura 1.4A) parece ser mais efetivo na resolução taxonômica para minhocas. As incongruências na topologia da árvore gerada a partir da análise *Neighbor Joining* (NJ) foram minimizadas através

Por outro lado a distribuição dos ramos entre as famílias de minhocas na topologia de ML resultou em uma maior homogeneidade, diminuindo as incongruências observadas usando o método de NJ (Figura 1.3). A inferência bayesiana (IB) reportou monofilia para as famílias Acanthodrilidae, Megascolecidae, Ocnodrilidae, e parafiletismo para Glossoscolecidae, Eudrilidae e Rhinodrilidae (Figura 1.4-A e 1.4-B).

Figura 1.4 Árvore Neighbour-Joining evidenciando os 8 grupos formados através do Bootstrap de 1000 replicatas. As cores representam as famílias onde cada gênero/espécie está alocado. Para melhor visualização <http://biotasc.com/site>.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

1.4 DISCUSSÃO

Neste estudo foi utilizado o DNA Barcode em comparação à análise taxonômica convencional para identificação de espécies de minhocas coletadas, independente da região ou sistema de uso do solo no Estado de Santa Catarina, Brasil. A identificação de espécies, através da análise molecular do DNA ainda é um desafio em aberto, especialmente em bioinformática (FIANNACA et al., 2015). A utilização destas ferramentas moleculares como o DNA Barcode é de grande utilidade para minhocas e outros grupos taxonômicos, como por exemplo os que utilizaram o método para avaliar insetos das ordens Díptera (BANERJEE et al., 2015) borboletas através do DNA Barcode (FERNÁNDEZ et al., 2011; FERNÁNDEZ et al., 2013) avaliaram filogeografia de *Aporrectodea trapezoides* (Oligochaeta:Lumbricidae) (KNOTT; HAIMI, 2010) estudaram a diversidade genética do DNAmít (COI) em *Dendrobaena octaedra* (Oligochaeta) (VELEZ-ZUAZO et al., 2015) por ser um método simples e relativamente rápido quando comparado a outros marcadores.

A ocorrência de pressões seletivas recorrentes, quando confirmadas, tem fortes consequências a luz da evolução adaptativa, especialmente em nível de diversidade do DNA mitocondrial (mtDNA) dentro das espécies, escalas temporais e nos processos demográficos (GALTIER et al., 2009). As mutações (deleção e transversão) ocorridas no genoma são capazes de revelar graus de distanciamento genético entre os indivíduos fornecendo informações importantes para delimitar o tamanho efetivo das populações, estrutura das comunidades e especiação críptica.

Do ponto de vista ecológico a divergência genética entre as populações de diferentes espécies de minhocas pode ser condicionada à capacidade de exploração dos nichos tróficos e, sobretudo pelas diferenças no padrão de distribuição geográfica dos táxons, ou seja, a sua presença em um local, mas a ausência em outro, delinea as diferenças tanto na história de vida como na história evolucionária o que permitiria reconstruções paleoecológicas. Além disso a diversidade nucleotídica é capaz de indicar como a interação entre as espécies está ocorrendo dentro de uma ou mais populações (STURZENBAUM et al., 2009; SWAIN et al., 2010).

Os indivíduos deste estudo foram coletados em 12 municípios distintos, com um distanciamento que variou entre 20 a 500km de distância e neste sentido, inferimos que o distanciamento geográfico das populações possivelmente influenciou de maneira muito sutil a variação entre os táxons.

Embora o “Barcode Gap” proposto por HERBERT et al. (2003) preconiza que exista uma lacuna (gap) entre a distância genética interespecífica que excede a variação intraespecífica

a tal ponto que permite tal determinação com um erro mínimo, não observamos tal fenômeno para nosso conjunto de dados (Figura 1.2). Muitos autores tem reportado a ausência, insuficiência total ou parcial do Barcode Gap para diversos grupos taxonômicos (WIEMERS; FIEDLER, 2007; BURNS et al., 2007; SRIVATHSAN; MEIER, 2012; TEMBE; SHOUCHE; GHATE, 2014; ANSLAN; TEDERSOO, 2015; BANERJEE et al., 2015; KVIST, 2015).

A ausência do Barcode Gap ou sobreposição das taxas de variação intra e interespecífica já foram relatadas por WIEMERS e FIEDLER (2007) para borboletas, ratificando a dificuldade nessa determinação, e pode incluir diversos fatores, como populações distantes com fluxo gênico limitado ou alopatria. Estes autores ainda enfatizam que o último caso, depende dos níveis de diferenciação morfológicas e o conceito de espécie a ser aplicado, ou seja, consideradas espécies crípticas (MEYER e PAULAY, 2005; PONS et al., 2006).

Outra dificuldade encontrada é a saturação do COI, ou seja, substituições múltiplas até o limiar máximo do sinal filogenético, impossibilitando a delimitação da variabilidade com DNA Barcode (PÉREZ-LOSADA et al., 2005; KLARICA et al., 2012; FERNÁNDEZ et al., 2016). CHANG; LIN; CHEN (2008) também reportaram baixa resolução nas variações interespecíficas para a família Megascolecidae originaria de Taiwan. Contudo ainda há a possibilidade de outras causas para explicar a sobreposição das variações intra e interespecíficas como por exemplo introgressão mitocondrial entre taxa, especiação recente seguido por separação incompleta da linhagem, ou cruzamentos que obscurecem a identificação (STÅHLS; SAVOLAINEN, 2008).

Os estudos sobre o Barcode Gap em Oligochaeta ainda geram controvérsias. (KVIST, 2015) relata que ferramentas “online” como “Automatic Barcode Gap Discovery” (ABGD) (PUILLANDRE et al., 2012) não leva em conta os sinônimos taxonômicos, erros de identificação e/ou correções posteriores entre outros problemas. O mesmo autor utilizou 6.619,341 comparações como base para a análise da variação genética; quase 6,5 milhões foram comparações interespecíficas e cerca de 150.000 foram comparações intraespecíficas, e encontrou valores para *p-distance* (não corrigidos) de 21,1% para o conjunto total de dados.

As distancias interespecíficas e intraespecíficas em Oligochaeta são compreendidas entre 0 a 36% e 0 a 25%, respectivamente (KVIST, 2014). O estudo de KVIST (2014) talvez seja o mais recente e completo trabalho envolvendo os representantes do filo Annelida no campo da biologia molecular. Esse mesmo autor ainda relata que caso um Barcode Gap mundial exista dentro do filo Annelida, a razão mais apropriada para explicar a subestimação da baixa variação interespecífica, seja devido ao fato de que os rótulos taxonômicos associados às sequências estão incorretos.

As inadequações dos rótulos taxonômicos representam talvez o principal desafio na taxonomia molecular por gerarem acúmulo de erros que vão desde a bancada (operacional) até os bancos de dados, criando verdadeiras “bolas de neve”. Nesse sentido, uma espécie que em determinado tempo se imaginava que era X em realidade era Y e isso desencadeia problemas imensos no que diz respeito ao conhecimento da biodiversidade.

Outro problema é que vários autores como DECAËNS et al. (2013), FERNANDEZ et al., (2013) encontraram valores distintos para as taxas de variação intra e interespecíficas (NOVO et al., 2010). Supõe-se que para o presente conjunto de dados a ausência de variação ou uma variação muito sutil está ligada a erros operacionais e/ou inadequações na identificação taxonômica clássica. Aliado a isso STÅHL & SAVOLAINEN (2008) também reportaram as mesmas dificuldades na delimitação de espécies através do DNA Barcode, encontrando inadequações na identificação quando contrastadas com a taxonomia baseada em características morfológicas, sugerindo haver efeito de introgressão mitocondrial de populações simpátricas, o que é corroborado com os dados obtidos no presente estudo.

Ressalta-se que a variação intra e interespecífica está condicionada a história de vida das espécies e relacionada ao isolamento geográfico, processos vicariantes e pressões ambientais distintas. Além disso, a heterozigotidade da espécie também contribui para tais variações (PONGRATZ; GERACE; MICHIELS, 2002). Estudos recentes apontam que minhocas possuem um mecanismo complexo para escolha dos parceiros sexuais a fim de aumentar a variabilidade genética, dando preferência para as minhocas que não tenham copulado ainda (DOMÍNGUEZ; VELANDO, 2013).

A árvore “Neighbor-Joining” (NJ) (Figura 1.4) revelou uma topologia que leva a crer que a espécie *Urobenus brasiliensis* (Rhidodrilidae) forma clado monofilético, as subramificações na topologia da árvore podem sugerir que haja certo distanciamento genético entre as espécies de *Urobenus brasiliensis* (variação intraespecífica) formando subclados distintos. DOMÍNGUEZ et al. (2015) demonstraram que morfologicamente *U. brasiliensis* forma um clado irmão com *Pontoscolex corethrurus* (Glossoscolecidae) através da posição da espermateca, neste sentido as descrições de Michaelsen (1900) já haviam incluído o gênero *Urobenus* dentro de Glossoscolecidae, no entanto atualmente sabe-se que *Urobenus* pertence à família Rhinodrilidae e que Glossoscolecidae forma um clado parafilético (JAMES, 2012) contudo, no presente estudo, encontramos o mesmo resultado que JAMES (2012) para a ML com um suporte de ramo confiável (98 e 99 %).

A família Glossoscolecidae é composta atualmente por 35 gêneros entre representantes aquáticos e terrestres, dentre os terrestres na América do Sul são descritas aproximadamente

400 espécies e destaca-se o gênero *Glossoscolex* e *Fimoscolex*, esses dois gêneros são endêmicos da região sul e sudeste do Brasil (CHRISTOFFERSEN, 2007, BARTZ; PASINI; BROWN, 2013).

Para a família Glossoscolecidae a literatura reporta apenas três trabalhos envolvendo marcadores moleculares, sendo dois trabalhos realizados na Guiana Francesa com a espécie *P. corethrurus* (DUPONT et al., 2012; DECAËNS et al., 2016) e outro conduzido no Brasil sobre a diversidade genética de *Rhinodrilus alatus* (SIQUEIRA et al., 2013). É importante ressaltar que essa família embora amplamente distribuída na América do Sul, tenha poucos estudos envolvendo marcadores moleculares e diversidade genética.

A topologia das árvores ML e IB (Figuras 1.3-A e 1.3-B) demonstrou que os gêneros *Glossoscolex* e *Fimoscolex* formaram grupos diversos e isolados de outros genótipos do mesmo gênero. Portanto denotam divergência genética entre as possíveis espécies, que ainda carecem de descrição.

O Barcode Gap não foi suficiente para delimitar as relações taxonômicas com a base num único pressuposto (divergência entre os táxons), mesmo com taxas de divergência genética variando entre 9 a 15%, conforme estudo de CHANG; JAMES, (2011). No presente estudo, dentro de Megascolecidae houve formação de clados monofiléticos em *Amyntas morissi* e *A. corticis*. No entanto para *A. gracilis* percebeu-se a formação de um clado parafilético, não se tem nenhuma hipótese para explicar tal comportamento.

Dois indivíduos do gênero *Glossoscolex* (*Glossoscolex sp13* e *sp14*) também apresentaram certa relação com *A. corticis* embora tal relação seja fraca (14,2%) não se podem desconsiderar a possibilidade de alguma linhagem de Glossoscolecidae ser derivada de Megascolecidae (*A. corticis*), considerando a teoria da deriva continental proposta por Alfred Wegener (1912).

Poucos trabalhos têm se dedicado a estudar a dispersão de Oligochaeta terrestres num aspecto filogeográfico, um estudo recente de ŠEŠELJA & WEBER (2012) demonstra que já houve evidências paleontológicas que minhocas podem ter distribuição passiva e seja um dos possíveis motivos para encontrarmos essa relação com filogeografia do grupo, que já remonta desde o Pangea (DOMÍNGUEZ et al., 2015). Em um estudo de BUCKLEY et al. (2011) sobre a família Megascolecidae na Nova Zelândia, esses autores sugerem que a dispersão dessa família é muito antiga, a partir das modificações ambientais que ocorreram no Terciário persistindo até o Plioceno.

Neste sentido, quando agrupamos as famílias e por outro lado, quando separamos as sequências por regiões de coleta, encontramos valores muito semelhantes para variação

intraespecífica 16%, 18%, 18% e 16% para Oeste, Planalto, Sul e Leste, respectivamente. A esse respeito sabe-se, no entanto que alguns fatores ambientais controlam a dinâmica das populações e, por conseguinte as variações genéticas entre as comunidades de diferentes espécies e a pressão do ambiente atua como um filtro natural. Neste sentido essas altas divergências e a estruturação da população podem ser explicadas pela baixa capacidade de dispersão das minhocas, avaliada em torno de 2-4 m/ano. (NOVO et al., 2010).

Para as minhocas do estado de Santa Catarina encontramos monofilia para Megascolecidae, como já reportado nos estudos de BUCKLEY et al. (2011), JAMES, 2012 e JAMES; DAVIDSON (2012). Para a família Acanthodrilidae sugerimos que haja monofilia com base na topologia da árvore gerada a partir da IB.

A monofilia encontrada para Acanthodrilidae (*Microscolex* e *Diplocardia*) corrobora com os achados de JAMES (2012) e de JAMES & DAVIDSON (2012) que verificaram a relação de Acanthodrilidae e Megascolecidae, tanto nos caracteres morfológicos (Glândulas Prostáticas) e marcadores moleculares. Os mesmos autores ainda relatam que existem características compartilhadas entre Glossoscolecidae e Acanthodrilidae. No entanto para nossos dados moleculares não se verificam formação de grupos irmãos na topologia de nenhuma das árvores (NJ, ML e IB). A família Rhinodrilidae demonstrou formação de ramos distintos sugerindo que seja um grupo parafilético.

A formação de clados distintos através da IB pode trazer novas perspectivas no arranjo taxonômico do gênero *Fimoscolex* (Glossoscolecidae). Nesse sentido, evidenciamos que observamos que alguns indivíduos do gênero *Fimoscolex* formaram um grupo irmão com *Bimastus parvus* (Lumbricidae), sugerindo que, embora amplamente distribuída, alguns de nossos representantes sul americanos possam ser descendentes diretos das linhagens endêmicas do continente Africano através de especiação alopátrica.

1.5 CONCLUSÕES

A estruturação filogeográfica para minhocas na América do Sul ainda é incipiente em termos de conhecimento da diversidade genética para Oligochaeta terrestres. A identificação em nível de espécie parece ser o primeiro passo para a resolução e definição dos grupos taxonômicos e modo de vida. No entanto, a insuficiência de pesquisas envolvendo marcadores moleculares no estudo das relações filogenéticas e filogeográficas ainda deixa em aberto uma lacuna imensa no conhecimento da biodiversidade de minhocas.

A utilização dos marcadores moleculares é recomendada, especialmente o gene mitocondrial Citocromo Oxidase para determinados táxons e até mesmo para Oligochaetas

onde haja um monitoramento e constante atualização do banco de dados do BOLD. No entanto, para nosso conjunto de dados, somente o COI parece não ter sido suficientemente efetivo para nível de espécie de minhocas, sugerimos que haja a combinação de outros marcadores nucleares para aumentar a acurácia das análises.

REFERÊNCIAS

- AJMAL ALI, M. et al. The changing epitome of species identification – DNA barcoding. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 21, n. 3, p. 204–231, 2014.
- ANSLAN, S.; TEDERSOO, L. Performance of cytochrome c oxidase subunit I (COI), ribosomal DNA Large Subunit (LSU) and Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2) in DNA barcoding of Collembola. **European Journal of Soil Biology**, v. 69, p. 1–7, 2015.
- BANERJEE, D. et al. Identification through DNA barcoding of Tabanidae (Diptera) vectors of surra disease in India. **Acta Tropica**, v. 150, p. 52–58, 2015.
- BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014.
- BARTZ, M. L. C.; PASINI, A.; BROWN, G. G. Earthworms as soil quality indicators in Brazilian no-tillage systems. **Applied Soil Ecology**, v. 69, p. 39–48, 2013.
- BLAGOEV, G. et al. Prospects for using DNA barcoding to identify spiders in species-rich genera. **ZooKeys**, v. 16, n. 0, p. 27–46, 2009.
- BROWN, S. D. et al. Spider: an R package for the analysis of species identity and evolution, with particular reference to DNA barcoding. **Molecular Ecology Resources**, v. 12, n. 3, p. 562–565, 2012.
- BUCKLEY, T. R. et al. Phylogenetic analysis of New Zealand earthworms (Oligochaeta: Megascolecidae) reveals ancient clades and cryptic taxonomic diversity. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 58, n. 1, p. 85–96, 2011.
- BURNS, J. M. et al. Dna barcodes of closely related (but morphologically and ecologically distinct) species of skipper butterflies (Hesperiidae) can differ by only one to three nucleotides. **Journal of the Lepidopterists' Society**, v. 61, n. 3, p. 138–153, 2007.
- CASIRAGHI, M. et al. DNA barcoding: a six-question tour to improve users' awareness about the method. **Briefings in Bioinformatics**, v. 11, n. 4, p. 440–453, 1 jul. 2010.
- CHANG, C. H.; JAMES, S. A critique of earthworm molecular phylogenetics. **Pedobiologia**, v. 54, p. S3–S9, 2011.
- CHANG, C. H.; LIN, S. M.; CHEN, J. H. Molecular systematics and phylogeography of the gigantic earthworms of the *Metaphire formosae* species group (Clitellata, Megascolecidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 49, n. 3, p. 958–968, 2008.

- CHRISTOFFERSEN, M. L. Biodiversity and distribution of the *Glossoscolex* genus- group (Annelida , Clitellata , Lumbricina , Glossoscolecidae) in South America. **America**, v. 2, n. december, p. 155–160, 2007.
- COLLINS, R. A; CRUICKSHANK, R. H. Known knowns, known unknowns, unknown unknowns and unknown knowns in DNA barcoding: a comment on Downton et al. **Systematic Biology**, v. 63, n. 6, p. 1–13, 2014.
- DECAËNS, T. et al. DNA barcoding reveals diversity patterns of earthworm communities in remote tropical forests of French Guiana. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 92, n. April, p. 171–183, 2016.
- DECAËNS, T. et al. Potential of DNA barcoding for earthworm research in taxonomy and ecology. **Applied Soil Ecology**, v. 65, p. 35–42, 2013.
- DOMÍNGUEZ, J. et al. Underground evolution: New roots for the old tree of lumbricid earthworms. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 83, p. 7–19, 2015.
- DOMÍNGUEZ, J.; VELANDO, A. Sexual selection in earthworms: Mate choice, sperm competition, differential allocation and partner manipulation. **Applied Soil Ecology**, v. 69, p. 21–27, 2013.
- DUPONT, L. et al. Genetic signature of accidental transfer of the peregrine earthworm *Pontoscolex corethrurus* (Clitellata, Glossoscolecidae) in French Guiana. **European Journal of Soil Biology**, v. 53, p. 70–75, 2012.
- FELSENSTEIN, J. Confidence Limits on Phylogenies: An Approach Using the Bootstrap. **Evolution**, v. 39, n. 4, p. 783, jul. 1985.
- FERNANDES, T. J. R. et al. High resolution melting analysis of a COI mini-barcode as a new approach for Penaeidae shrimp species discrimination. **Food Control**, v. 82, p. 8–17, 2017.
- FERNÁNDEZ, R. et al. Ultrastructural and molecular insights into three populations of *Aporrectodea trapezoides* (Dugès, 1828) (Oligochaeta, Lumbricidae) with different reproductive modes. **Pedobiologia**, v. 54, n. 5–6, p. 281–290, 2011.
- FERNÁNDEZ, R. et al. Earthworms, good indicators for palaeogeographical studies? Testing the genetic structure and demographic history in the peregrine earthworm *Aporrectodea trapezoides* (Dugès, 1828) in southern Europe. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 58, p. 127–135, 2013.
- FERNÁNDEZ, R. et al. Diversification patterns in cosmopolitan earthworms: Similar mode but different tempo. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 94, p. 701–708, 2016.
- FERNANDEZ, V. et al. Evolution of online discussion forum richness according to channel expansion theory: A longitudinal panel data analysis. **Computers and Education**, v. 62, p. 32–40, 2013.
- FIANNACA, A. et al. A k-mer-based barcode DNA classification methodology based on spectral representation and a neural gas network. **Artificial Intelligence in Medicine**, v. 64, n. 3, p. 173–184, 2015.

- FOLMER, O. et al. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. **Molecular marine biology and biotechnology**, v. 3, n. 5, p. 294–9, out. 1994.
- GALTIER, N. et al. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: A reappraisal. **Molecular Ecology**, v. 18, n. 22, p. 4541–4550, 2009.
- GRZYWACZ, A.; WYBORSKA, D.; PIWCZYŃSKI, M. DNA barcoding allows identification of European Fanniidae (Diptera) of forensic interest. **Forensic Science International**, 2017.
- HEBERT, P. D. N. et al. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 270, n. 1512, p. 313–321, 7 fev. 2003.
- HUANG, J. J. et al. Identifying earthworms through DNA barcodes. **Pedobiologia**, v. 51, n. 4, p. 301–309, 2007.
- JAMES, S. W. Re-erection of Rhinodriliidae Benham, 1890, a senior synonym of Pontoscolecidae James, 2012 (Annelida: Clitellata). **Zootaxa**, v. 68, n. 3540, p. 67–68, 2012.
- JAMES, S. W.; DAVIDSON, S. K. Molecular phylogeny of earthworms (Annelida:Crassicitellata) based on 28S, 18S and 16S gene sequences. **Invertebrate Systematics**, v. 26, n. 2, p. 213–229, 2012.
- KLARICA, J. et al. Comparing four mitochondrial genes in earthworms - Implications for identification, phylogenetics, and discovery of cryptic species. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 45, p. 23–30, 2012.
- KNOTT, K. E.; HAIMI, J. High mitochondrial DNA sequence diversity in the parthenogenetic earthworm *Dendrobaena octaedra*. **Heredity**, v. 105, n. 4, p. 341–347, 2010.
- KVIST, S. Does a global DNA barcoding gap exist in Annelida? **Mitochondrial DNA**, v. 1736, p. 1–12, 2015.
- LANG, S. A. et al. Phylogeny and Clitellar Morphology of the Giant Amazonian Earthworm, *Rhinodrillus priollii* (Oligochaeta: Glossoscolecidae). **The American Midland Naturalist**, v. 167, n. 2, p. 384–395, 2012.
- LARKIN, M. A. et al. Clustal W and Clustal X version 2.0. **Bioinformatics**, v. 23, n. 21, p. 2947–2948, 1 nov. 2007.
- LAVELLE, P. et al. Large-scale effects of earthworms on soil organic matter and nutrient dynamics. p. 103–122, 1998.
- MEYER, C. P.; PAULAY, G. DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. **PLoS Biology**, v. 3, n. 12, p. e422, 29 nov. 2005.
- NOVO, M. et al. Cryptic speciation of hormogastrid earthworms revealed by mitochondrial and nuclear data. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 56, n. 1, p. 507–512, 2010.
- ORGIAZZI, A. et al. Soil biodiversity and DNA barcodes: Opportunities and challenges. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 80, p. 244–250, 2015.

PANG, J. Z. et al. Effects of Epigeic Earthworms on Decomposition of Wheat Straw and Nutrient Cycling in Agricultural Soils in a Reclaimed Salinity Area: A Microcosm Study. **Pedosphere**, v. 22, n. 5, p. 726–735, 2012.

PARACCHINI, V. et al. Novel nuclear barcode regions for the identification of flatfish species. **Food Control**, v. 79, p. 297–308, 2017.

PÉREZ-LOSADA, M. et al. Phylogenetic species delimitation of the earthworms *Eisenia fetida* (Savigny, 1826) and *Eisenia andrei* Bouché, 1972 (Oligochaeta, Lumbricidae) based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. **Pedobiologia**, v. 49, n. 4, p. 317–324, 2005.

PÉREZ-LOSADA, M. et al. Taxonomic assessment of Lumbricidae (Oligochaeta) earthworm genera using DNA barcodes. **European Journal of Soil Biology**, v. 48, p. 41–47, 2012.

PONGRATZ, N.; GERACE, L.; MICHIELS, N. K. True. **Heredity**, v. 89, n. 1, p. 64–69, 2002.

PONS, J. et al. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. **Systematic biology**, v. 55, n. 4, p. 595–609, ago. 2006.

POSADA, D. jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. **Molecular Biology and Evolution**, v. 25, n. 7, p. 1253–1256, 3 abr. 2008.

PULLANDRE, N. et al. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. **Molecular ecology**, v. 21, n. 8, p. 1864–77, maio 2012.

RONQUIST, F. et al. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. **Systematic biology**, v. 61, n. 3, p. 539–42, maio 2012.

ŠEŠELJA, D.; WEBER, E. Rationality and irrationality in the history of continental drift: Was the hypothesis of continental drift worthy of pursuit? **Studies in History and Philosophy of Science Part A**, v. 43, n. 1, p. 147–159, 2012.

SHARMA, V. J.; SATYANARAYAN, S. Effect of selected heavy metals on the histopathology of different tissues of earthworm *Eudrillus eugeniae*. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 180, n. 1–4, p. 257–267, 2011.

SIQUEIRA, F. D. F. et al. Genetic diversity and population genetic structure in giant earthworm *Rhinodrilus alatus* (Annelida: Clitellata: Glossoscolecidae). **Pedobiologia**, v. 56, n. 1, p. 15–21, 2013.

SMITH, R. G. et al. Diversity and abundance of earthworms across an agricultural land-use intensity gradient. **Soil and Tillage Research**, v. 100, n. 1–2, p. 83–88, 2008.

SRIVATHSAN, A.; MEIER, R. On the inappropriate use of Kimura-2-parameter (K2P) divergences in the DNA-barcoding literature. **Cladistics**, v. 28, n. 2, p. 190–194, 2012.

STADEN, R.; BEAL, K. F.; BONFIELD, J. K. The Staden package, 1998. **Methods in molecular biology (Clifton, N.J.)**, v. 132, p. 115–30, 2000.

STÅHL, G.; SAVOLAINEN, E. MtDNA COI barcodes reveal cryptic diversity in the *Baetis vernus* group (Ephemeroptera, Baetidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 46, n. 1, p. 82–87, 2008.

STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1312–1313, 1 maio 2014.

STURZENBAUM, S. et al. Earthworm genomes, genes and proteins: the (re)discovery of Darwin's worms. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 276, n. 1658, p. 789–797, 2009.

SWAIN, S. et al. Linking toxicant physiological mode of action with induced gene expression changes in *Caenorhabditis elegans*. **BMC systems biology**, v. 4, p. 32, 2010.

TAMURA, K. et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular biology and evolution**, v. 28, n. 10, p. 2731–9, out. 2011.

TAN, J. et al. Assessment of Four Molecular Markers as Potential DNA Barcodes for Red *Algae Kappaphycus* Doty and *Eucheuma* J. Agardh (Solieriaceae, Rhodophyta). **PLoS ONE**, v. 7, n. 12, 2012.

TEMBE, S.; SHOUCHE, Y.; GHATE, H. V. DNA barcoding of Pentatomomorpha bugs (Hemiptera: Heteroptera) from Western Ghats of India. **Meta Gene**, v. 2, p. 737–745, 2014.

VELEZ-ZUAZO, X. et al. What barcode sequencing reveals about the shark fishery in Peru. **Fisheries Research**, v. 161, p. 34–41, 2015.

WIEMERS, M.; FIEDLER, K. Does the DNA barcoding gap exist? - a case study in blue butterflies (Lepidoptera: Lycaenidae). **Frontiers in zoology**, v. 4, n. September 2004, p. 8, 2007.

WILGENBUSCH, J. C.; SWOFFORD, D. Inferring Evolutionary Trees with PAUP*. In: **Current Protocols in Bioinformatics**. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 2003. v. Chapter 6p. Unit 6.4.

YI, S. et al. Morphological comparison and DNA barcoding of four closely related species in the genera *Misgurnus* and *Paramisgurnus* (Cypriniformes: Cobitidae). **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 70, p. 50–59, 2017.

CAPÍTULO 2 – ARANHAS (Arachnida: Araneae) EM SISTEMAS DE USO DO SOLO NO OESTE DE SANTA CATARINA.

RESUMO

As mudanças no uso e manejo do solo em áreas agrícolas podem afetar a biodiversidade de famílias de aranhas. O objetivo foi avaliar a diversidade de aranhas no solo em função de um gradiente de intensidade de uso em sistemas de uso do solo (SUS) nomeadamente floresta nativa, reflorestamento de eucalipto, pastagem perene, integração lavoura-pecuária e plantio direto na região Oeste do Estado de Santa Catarina, com dois métodos TSBF (*Tropical Soil Biology and Fertility*) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Ao todo foram capturados 492 indivíduos, sendo possível identificar 21 famílias, 46 gêneros e 4 espécies. A análise de componentes principais (ACP) demonstrou a separação dos SUS e a relação das famílias de aranhas com manejos específicos, nos dois métodos de amostragem. O método TSBF se mostrou mais sensível para famílias de aranhas edáficas, ao passo que o método *Pitfall traps* é mais sensível para aranhas epigeicas. Famílias como Lycosidae e Salticidae foram mais resistentes às pressões ambientais, enquanto Oonopidae e Amaurobiidae foram mais sensíveis às modificações ambientais. As diferenças na comunidade de aranhas foram explicadas pelo tipo de manejo e atributos edáficos (matéria orgânica, diâmetro médio ponderado de partículas, resistência a penetração), que estão associadas ao grau intervenção antrópica nos SUS. Recomenda-se a utilização concomitante dos dois métodos de amostragem a fim de conseguir captar a maior diversidade de famílias de aranhas, tornando trabalhos de inventários e monitoramento mais efetivos e abrangentes.

Palavras chave: Araneofauna 1, manejo do solo 2, biodiversidade edáfica 3.

ABSTRACT

Changes in land use and management in agricultural sites can affect the biodiversity of spider families. The objective was to evaluate how sampling methods can be sensible to capture the spider diversity in land-use systems (SUS) in the western region of the State of Santa Catarina, with two methods (TSBF - *Tropical Soil Biology and Fertility*, and soil traps - *Pitfall traps*). In total, 492 individuals were captured, and it was possible to identify 21 families, 46 genera and 4 species. Principal Component Analysis (PCA) demonstrated the separation of SUS and the relationship of the spider's families with specific management in both sampling methods. The TSBF method has shown to be more sensitive for families of soil spiders, whereas the *Pitfall traps* method is more sensitive for epigeic spiders. Families such as *Lycosidae* and *Salticidae*

were more resistant to environmental pressures, while *Oonopidae* and *Amaurobiidae* were more sensitive to environmental modifications. The population fluctuations of spiders were explained by the type of management and edaphic attributes (organic matter, weighted mean particle diameter and resistance to penetration), which conditioned environmental pressures associated with the degree of anthropogenic intervention in SUS. It is recommended that the two sampling methods be used concomitantly to capture the greatest diversity of spider families, making inventory and monitoring work more effective and comprehensive.

Keywords: Soil spiders 1, Soil management 2, edaphic biodiversity 3.

2.1. INTRODUÇÃO

As aranhas são consideradas indicadoras de modificações ambientais e podem ser utilizadas na predição de modelos para avaliação da biodiversidade, por serem predadoras ativas e como consequência são reguladoras das populações de outros organismos (JUNG et al., 2008; CASTRO; WISE, 2010;). As aranhas são recomendadas como indicadoras de sustentabilidade e gestão de paisagens agrícolas (JUNG et al., 2008). Devido a sua diversidade funcional são altamente especializadas na predação de pragas (CHATTERJEE et al., 2009) além de estarem diretamente ligadas às teias alimentares de organismos herbívoros e detritívoros (WILLETT, 2001; SCHIRMEL et al., 2016).

Embora sejam organismos com ampla dispersão no globo terrestre, Araneae é dentro de Arachnida, a segunda ordem mais diversa em todo o mundo, com aproximadamente 46.500 espécies descritas e distribuídas em 113 famílias (WORLD SPIDER CATALOG, 2016). Dentre os artrópodes, são os organismos com maior sucesso evolutivo e de dispersão, sendo encontrados em todos os continentes, excetuando-se a Antártida e em praticamente todos os ecossistemas inclusive ecossistemas dulcícolas (TAUCARE-RÍOS;BUSTAMANTE, 2015).

Quando comparados com alguns grupos taxonômicos como insetos, por exemplo, as aranhas foram relativamente pouco estudadas e pouco se sabe sobre as comunidades em áreas naturais e antropizadas (BORGES;WUNDERLICH, 2008). Outro agravante para o baixo conhecimento do *status-quo* da biodiversidade de aranhas do solo são as limitações do uso dos métodos amostrais, que podem subestimar a abundância e riqueza destes organismos (BARETTA et al., 2007), ou ainda custos, tempo, periodicidade, erro humano, etc.

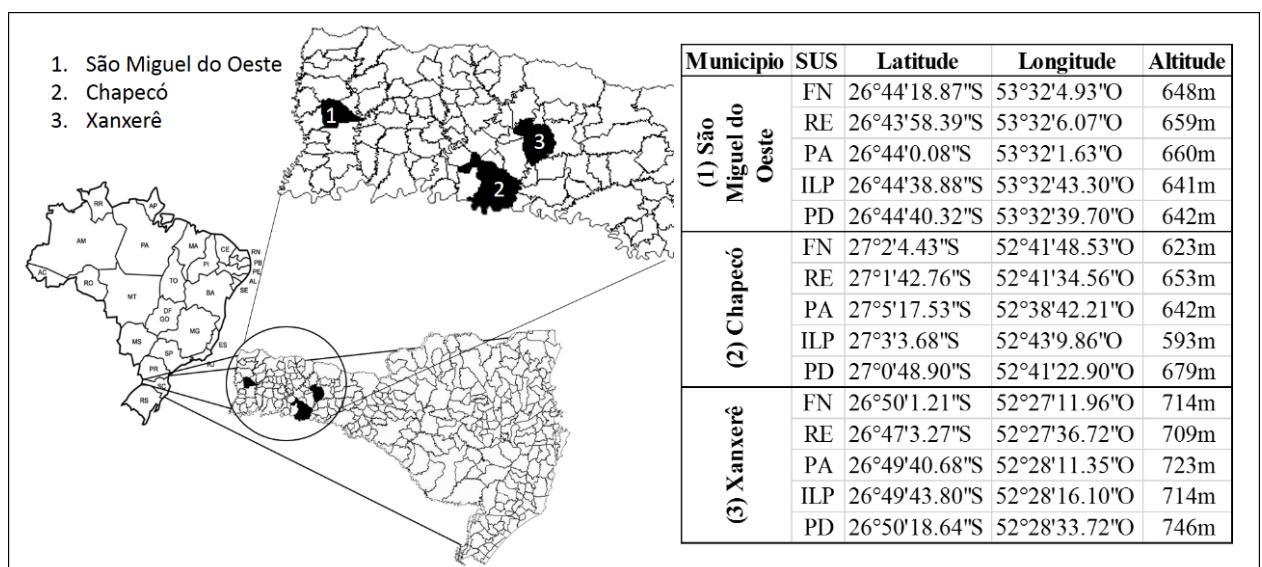
Neste sentido, a diversidade de aranhas em Santa Catarina conta apenas com alguns estudos pontuais, como os de OTT (2003); INDICATTI et al. (2008); POETA et al. (2010); PREUSS e LUCAS (2012) que ainda são esparsos e carentes de uma visão sistêmica. Embora

inventários sejam uma das formas de descrever a estrutura das comunidades em escalas espaciais e temporais, os métodos de amostragem podem afetar os resultados (BARETTA et al., 2007). Além disso, é importante demonstrar como os métodos de amostragem de solo podem ser sensíveis para captar a diversidade de aranhas em ambientes naturais e agrícolas. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade de aranhas no solo em função de um gradiente de intensidade de uso em sistemas de uso do solo (SUS) na região Oeste do Estado de Santa Catarina.

2.2. MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no Oeste Catarinense abrangendo SUS com crescente intensidade de intervenção antrópica, a saber: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema plantio direto (PD). Os locais foram selecionados de acordo com características geográficas, relevo, altitude e solo representativos (Latosolo Vermelho) em três municípios: em Xanxerê, Chapecó e São Miguel do Oeste, em áreas georreferenciadas (Figura 2.1). Outras informações sobre o histórico de uso das áreas podem ser obtidas em BARTZ et al., (2014a), BARTZ et al. (2014b) e no Anexo 1.

Figura 2.1. Localização geográfica e altitude média dos sistemas de uso do solo (SUS), floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) nos municípios de (1) São Miguel do Oeste, (2) Chapecó, (3) Xanxerê na região Oeste de Santa Catarina.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

A amostragem das aranhas foi realizada em grade amostral de 3 x 3, sendo 9 pontos por SUS em cada município, totalizando 27 pontos por SUS, com espaçamento entre cada ponto de 30 m, respeitando 20 m de bordadura, num total de 270 pontos para cada um dos métodos (inverno + verão) e área total de 1 ha em cada um dos SUS. Os locais de amostragem em cada município foram considerados como réplicas verdadeiras dos SUS (Figura 2.1). Maiores detalhes sobre esquema amostral podem ser obtidos em BARTZ et al. (2014a); SOUZA et al., (2016) e no Anexo 1.

A coleta das aranhas foi realizada pelos métodos TSBF (*Tropical Soil Biology and Fertility*) (ANDERSON & INGRAM, 1993) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*) (BARETTA et al., 2007), no inverno de 2011, nos meses de junho e julho, e no verão, nos meses de dezembro de 2011 e janeiro de 2012. Nestes períodos as condições de temperatura e precipitação foram representativas do ambiente regional (SANTA CATARINA, 1986). A área de amostragem do TSBF em cada ponto foi de 25 x 25 cm, escavando o solo a 20 cm de profundidade. O solo coletado foi acondicionado em sacos plásticos e levados ao laboratório onde ocorreu triagem manual, com o auxílio de iluminação artificial.

As armadilhas de solo (*Pitfall traps*) foram instaladas a aproximadamente 30 cm dos pontos de coleta do método TSBF e deixadas a campo por três dias, decorrido o tempo, foram recolhidas, levadas ao laboratório onde os organismos coletados foram separados com auxílio de peneiras de 0,125 mm. Todos os organismos encontrados foram fixados em álcool 80% e encaminhados para identificação no Instituto Butantan. Todo o material está depositado na coleção de Aracnídeos e Miriápodes do Laboratório Especial de Coleções Zoológicas (LE CZ), do Instituto Butantan (A.D. Brescovit, curador).

Ao redor dos pontos de coleta dos TSBF foram coletadas 15 amostras de solo na camada de 0 a 20 cm, que foram homogeneizadas para formar uma amostra composta. As análises de carbono (C), nitrogênio (N), enxofre (S) e hidrogênio (H) foram realizadas através do método de combustão total no equipamento Elementar Vario EL Cube ® com sensibilidade de 99%. Os atributos químicos do solo foram analisados conforme TEDESCO et al. (1995), com determinação de pH em água (pH), acidez potencial (índice SMP), fósforo (P), potássio (K), matéria orgânica (MO), alumínio trocável (Al^{3+}), cálcio (Ca^{2+}), magnésio (Mg^{2+}), acidez potencial (H+Al) e capacidade de troca de cátions (CTC) a pH 7,0.

Amostras com estrutura preservada de solo foram coletadas ao lado de cada local escavado para retirada da macrofauna. Uma porção de 25g de solo foi utilizada para determinar a estabilidade de agregados, de acordo com o método de peneiramento úmido de KEMPER e CHEPIL (1965). Anéis volumétricos retirados nesses pontos foram utilizados para determinar

a densidade do solo (Ds), o volume de bioporos (Bio), a microporosidade (Micro), a macroporosidade (Macro) e a porosidade total (PT), determinados como descritos em EMBRAPA (1997). A resistência à penetração (RP) foi medida com penetrômetro de bancada Marconi®, modelo MA-933, na porção central das amostras de solo contidas nos anéis volumétricos, com umidade estável na tensão de 6 kPa.

A abundância total das famílias de aranhas obtidas em cada método de coleta foi utilizada para a obtenção do comprimento de gradiente (*Detrended Correspondence Analysis - DCA*), conforme proposto por tER BRAAK & SMILAUER (1998). A comparação da abundância das famílias de aranhas e os SUS se deu pela análise de componentes principais (ACP) independentemente do método e entre os métodos de amostragem, a fim de verificar qual método é capaz de melhor explicar a hipótese de que a intensidade do uso do solo possui algum tipo de relação com a diversidade de famílias de aranhas. Os atributos físicos e químicos foram considerados variáveis ambientais explicativas, onde, os parâmetros edáficos colineares foram removidos do modelo estatístico e posteriormente utilizados para estabelecer a correlação entre estes e as famílias de aranhas, na análise de redundância (RDA), utilizando o software CANOCO 4.5 (tER BRAAK & SMILAUER, 1998).

O índice de Shannon Wiener (H') foi calculado através do programa estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011) a fim de verificar como as pressões ambientais (intensificação de uso do solo) poderiam interferir na distribuição das famílias de aranhas, sendo calculados conforme proposto por ODUM (1983). Os valores médios de H' foram comparados ponto a ponto ($n=27$) pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, pelo programa estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011).

2.3. RESULTADOS

Ao todo foram capturados 492 indivíduos, sendo possível identificar 20 famílias, 46 gêneros e 4 espécies (Tabela 2.1). Entre os métodos foi possível verificar que as armadilhas capturaram 38 morfoespécies, com identificação de 19 famílias (Tabela 2.2) e pelo método TSBF foram capturadas 28 morfoespécies, com identificação de 13 famílias (Tabela 2.3). Na soma dos dois métodos encontrou-se 20 famílias e 54 morfoespécies (Tabela 2.1), das 20 famílias, seis foram coletadas exclusivamente nas armadilhas (*Pitfall traps*) e três delas foram somente coletadas pelo método TSBF. Quando somados, os dados de abundância de TSBF e *Pitfall traps* as famílias mais frequentes (dados não apresentados) foram: Linyphiidae (35,4%), Lycosidae (21,5%), Oonopidae (3,0%), Salticidae (6,1%) e Theridiidae (17,3%) totalizando

83,33% das famílias capturadas. Não houve diferença significativa nos valores de diversidade (H') e nem quando somados, pelo teste Tukey a 5% (Tabelas 2.1; 2.2; e 2.3).

Tabela 2.1. Número de indivíduos (famílias de aranhas) capturados no Oeste de Santa Catarina utilizando dois métodos combinados (TSBF + *Pitfall traps*) em duas épocas contrastantes (inverno e verão) em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

TSBF + Pitfall Família/Gênero/Espécie	Inverno					Verão				
	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE
Amaurobiidae	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>gen.? sp.1*</i>	1	0	0	0	0	3	0	0	0	0
N.I. sp.1*	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Amphinectidae	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Araneidae	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0
Caponiidae	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Corinnidae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	1
<i>Corinna sp.1</i>	2	0	0	0	2	0	0	0	0	1
<i>Falconina sp.1</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Ctenidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Isoctenus sp.1</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gnaphosidae	0	0	0	1	2	0	0	0	1	1
<i>Zimromus sp.1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0
Hahniidae	1	1	0	0	11	0	0	0	0	0
<i>Neohahnia sp.1</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	5	9
<i>gen.? sp.1*</i>	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Linyphiidae	14	5	8	4	4	8	4	3	6	8
<i>Agyneta sp.1</i>	5	0	1	0	12	2	0	2	0	5
<i>Agyneta sp.2</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
<i>Erigone sp.1</i>	0	2	1	0	1	0	0	2	1	1
<i>Erigone sp.2</i>	1	15	8	5	2	0	1	0	0	1
<i>Linyphiidae sp.1</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Mermessus sp.1</i>	1	1	0	1	8	0	0	0	0	0
<i>Moyosi sp.1</i>	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Neomaso sp.1</i>	4	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Neomaso sp.2</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Laminacauda sp.1</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1
<i>Ostearius sp.1</i>	0	0	0	1	0	3	0	2	0	0

<i>Scolecurea</i> sp.1	0	0	1	0	3	1	0	0	0	0
<i>Sphecozone novaeteutoniae</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Vesicapalpus</i> sp.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Lycosidae	4	6	3	2	0	4	19	18	14	6
<i>Allocosa</i> sp.1	0	3	1	3	0	2	4	1	0	0
<i>Allocosinae</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.1	0	2	1	1	0	0	1	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.2	0	0	3	2	0	0	0	0	3	0
<i>Lobizon humilis</i>	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Miturgidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Odo</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Oonopidae	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
<i>Gen.1</i> sp.1*	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0
<i>Neoxyphinus</i> sp.1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hexapopha</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neotrops</i> sp.1	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0
<i>Neoxyphinus termitophilus</i>	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Oxyopidae	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Palpimanidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Otiotrops</i> sp.	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Pholcidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mesabolivar aff. difficilis</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salticidae	1	0	0	0	2	0	0	1	1	1
<i>Cotinusa</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Corythalia</i> sp.1	2	0	0	0	2	0	0	0	0	0
<i>Corythalia</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0
<i>Euophryinae</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Scytodidae	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Tetragnathidae	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Azilia histrio</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glenognatha australis</i>	0	3	4	3	0	0	0	1	0	0
Theridiidae	1	0	5	0	0	7	8	15	5	4
<i>Cryptachaea</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	1	0	9	0
<i>Dipoena pumicata</i>	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dipoena</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Exalbidion</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Guaraniella</i> sp.1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0
<i>Steatoda</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	8	0	1	0

<i>Steatoda</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Styposis sellis</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Styposis</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Zodariidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tenedos</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Diversidade Média	0,48a	0,25a	0,33a	0,23a	0,39a	0,41a	0,17a	0,27a	0,11a	0,42a
Riqueza Média	1,78a	1,26a	1,22a	1,19a	1,41a	1,7a	1,04ab	1,11ab	0,7b	1,52a
Riqueza Total	28	14	16	11	14	31	13	13	12	17
Total de Indivíduos	56	43	41	24	51	62	51	52	52	47

Tabela 2.2. Número de indivíduos (famílias de aranhas) capturados no Oeste de Santa Catarina utilizando Método *Pitfall traps* em duas épocas contrastantes (inverno e verão) em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

<i>Pitfall</i>	Inverno					Verão				
	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE
Amaurobiidae	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
N.I. sp.1*	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Amphinectidae	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Metaltella</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Araneidae	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0
Caponiidae	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Corinnidae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	1
<i>Corinna</i> sp.1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1
<i>Falconina</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Ctenidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Isoctenus</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gnaphosidae	0	0	0	1	2	0	0	0	1	1
Hahniidae	1	1	0	0	11	0	0	0	0	0
<i>Neohahnia</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	5	9
Linyphidae	14	5	8	4	4	8	4	3	6	8
<i>Agyreta</i> sp.1	5	0	1	0	12	1	0	2	0	5
<i>Agyreta</i> sp.2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
<i>Erigone</i> sp.1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1
<i>Erigone</i> sp.2	1	15	8	5	2	0	1	0	0	1
<i>Mermessus</i> sp.1	1	1	0	1	4	0	0	0	0	0
<i>Neomaso</i> sp.1	4	0	0	0	0	1	0	0	0	0

<i>Ostearius</i> sp.1	0	0	0	1	0	3	0	2	0	0
<i>Sphecozone novaeteutoniae</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Scolecurea</i> Sp.1	0	0	1	0	3	0	0	0	0	0
Lycosidae	4	6	3	2	0	4	19	18	14	6
<i>Allocosa</i> sp.1	0	3	1	3	0	2	4	0	0	0
<i>Allocosinae</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.1	0	2	1	1	0	0	1	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.2	0	0	3	2	0	0	0	0	3	0
Miturgidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Odo</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Oonopidae	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
<i>Hexapopha</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neotrops</i> sp.1	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0
<i>Neoxyphinus termitophilus</i>	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Oxyopidae	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Pholcidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mesobolivar</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Salticidae	1	0	0	0	2	0	0	1	1	1
<i>Corythalia</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cotinusa</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Scytodidae	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Tetragnathidae	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Glenognatha australis</i>	0	3	4	3	0	0	0	1	0	0
Theridiidae	1	0	5	0	0	7	8	15	5	4
<i>Cryptachaea</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	1	0	9	0
<i>Exalbidion</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Guaraniella</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Steatoda</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	8	0	1	0
<i>Steatoda</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Styopsis</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Dipoena</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Guaraniella</i> sp.1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
<i>Styopsis</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zodariidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tenedos</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Diversidade Média	0,3a	0,09a	0,24a	0,11a	0,32a	0,36a	0,18a	0,23a	0,19a	0,29a
Riqueza Média	1,26a	0,93a	1,04a	0,7a	1,33a	1,41a	1,11a	1,00a	1,11a	1,19a
Riqueza Total	20	11	14	11	12	21	10	9	10	14
Total de Indivíduos	47	48	44	46	41	44	39	39	24	48

Tabela 2.3. Número de indivíduos (famílias de aranhas) capturados no Oeste de Santa Catarina utilizando Método TSBF em duas épocas contrastantes (inverno e verão) em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

TSBF	Inverno					Verão				
	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE
Amaurobiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>gen.?</i> sp.1*	1	0	0	0	0	3	0	0	0	0
Corinnidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Corinna</i> sp.1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Gnaphosidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Zimiromus</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0
Hahniidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>gen.?</i> sp.1*	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Linyphiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Agyneta</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Erigone</i> sp.1	0	2	1	0	0	0	0	1	0	0
<i>Linyphiidae</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Mermessus</i> sp.1	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0
<i>Moyosi</i> sp.1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Neomaso</i> sp.2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Laminacauda</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1
<i>Scolecurea</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lycosidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Allocosa</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Lobizon humilis</i>	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Oonopidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gen.1</i> sp.1*	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0
<i>Neoxyphinus</i> sp.1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Palpimanidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Otiotrops</i> sp.	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Pholcidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mesabolivar aff. difficilis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Prodidomidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gen.1</i> sp.1*	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Salticidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Corythalia</i> sp.1	1	0	0	0	2	0	0	0	0	0

<i>Corythalia</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0
<i>Euophryinae</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tetragnathidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Azilia histrio</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Theridiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dipoena pumicata</i>	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dipoena</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Diversidade média (H')	0,03a	0,00a	0,00a	0,00a	0,03a	0,06a	0,00a	0,02a	0,00a	0,00a
Riqueza média	0,19a	0,11a	0,04a	0,00a	0,07a	0,41a	0,15a	0,22a	0,07a	0,22a
Riqueza total	10	3	2	0	3	10	4	5	2	3
Total de indivíduos	12	4	2	0	7	15	4	8	6	6

A análise de componentes principais (ACP) demonstrou clara separação entre os sistemas de uso do solo (SUS) e as famílias de aranhas (Figuras 2.2-A e 2.2-B). Para o método armadilhas de solo (*Pitfall traps*) a componente principal 1 (C.P.1) explicou 40,7% e a componente principal 2 (C.P.2) explicou 24,7% totalizando 65,4% da variação total, evidenciando a alta abundância de famílias de aranhas com a floresta nativa (FN) e reflorestamento de eucalipto (RE), enquanto e os sistemas pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e integração lavoura-pecuária (ILP) ficaram agrupados à direita (Figura 2.2-A). As famílias Pholcidae, Oonopidae, Amaurobiidae, Salticidae, Linyphiidae, Scytodidae, Corinnidae, Gnaphosidae e Hahniidae estiveram mais relacionadas aos sistemas com menor nível de intervenção antrópica (FN e RE) ao passo que Theridiidae, Oxyopidae, Araneidae, Lycosidae, Tetragnathidae e Amphinectidae são mais relacionadas ao SUS com algum tipo de intervenção antrópica (PA, ILP e PD).

Durante o verão as famílias de aranhas coletadas com armadilhas de solo apresentaram comportamento distinto. Caponiidae, Amaurobiidae, Zodariidae, Oonopidae, Ctenidae, Miturgidae e Araneidae estiveram mais presentes em FN, Corinnidae, Linyphiidae, Scytodidae e Gnaphosidae apresentaram maior relação com ILP e um grupo menor, Lycosidae, Hahniidae, Tetragnathidae, Salticidae e Filistatidae estiveram presentes em RE, PA e PD sendo essa variação foi explicada em 56,9%, sendo 37,0% pela C.P.1 e 19,9% pela C.P. 2.

Para o método *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) (Figura 2.2-C e 2.2-D) houve um número reduzido de indivíduos coletados, especialmente por esse método ser comumente utilizado para organismos edáfico stricto, onde a FN concentrou a maior abundância de indivíduos no inverno (Figura 2.2-C) e apresentou maior relação com Prodidomidae,

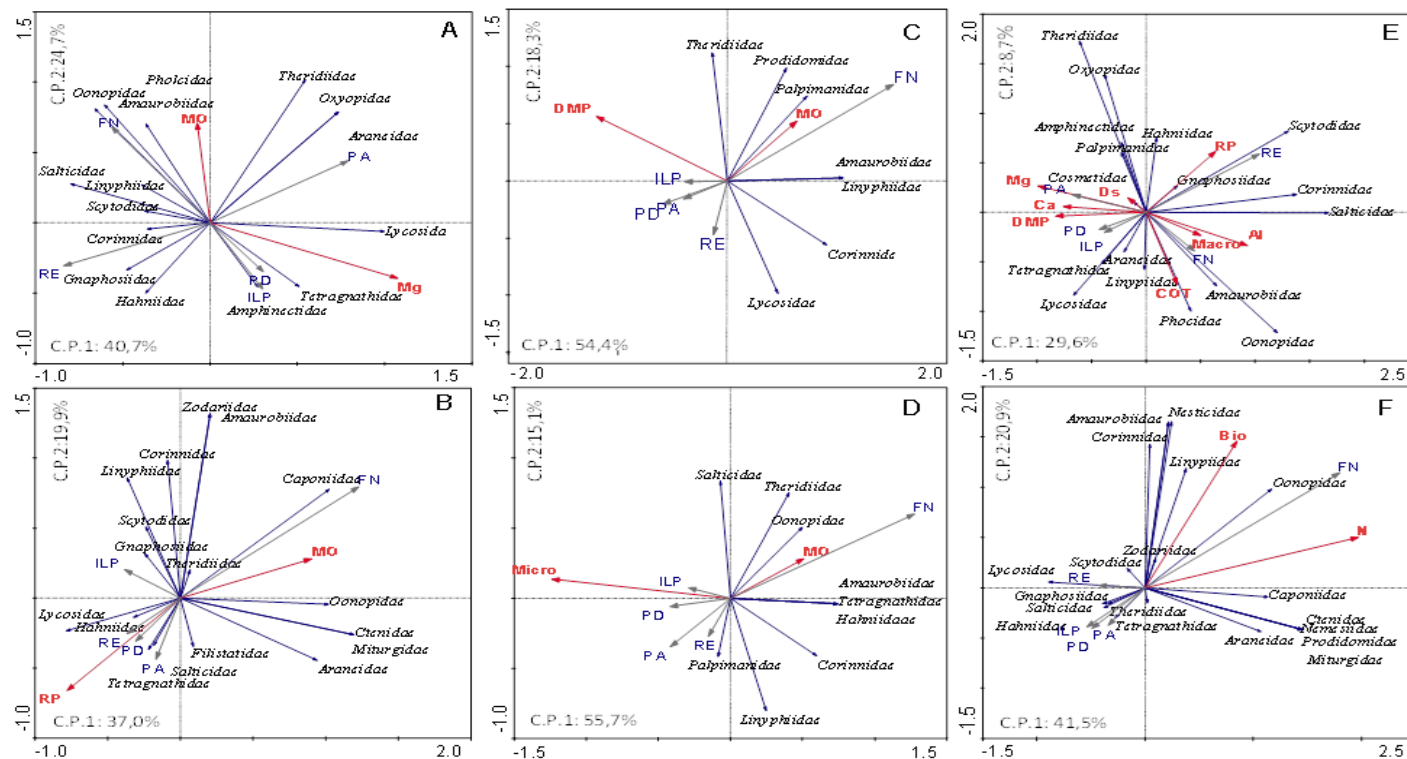
Palpimanidae, Linyphiidae, Amaurobiidae, Corinnidae, enquanto os sistemas com algum nível de intervenção antrópica tiveram maior relação com Lycosidae apenas.

No verão pelo método TSBF (Figura 2.2-D) Theridiidae, Oonopidae, Amaurobiidae, Tetragnathidae, Hahniidae, Corinnidae, foram mais abundantes em FN e os sistemas de uso do solo (SUS) onde o nível de intervenção antrópica é maior observou-se uma baixa frequência de aranhas. Salticidae esteve mais relacionada com ILP, enquanto Linyphiidae e Palpimanidae com RE. Essa clara distinção entre a ocorrência de determinadas famílias nos SUS é explicada em 55,7% da variação pela CP. 1 e 15, 1% pela C.P. 2, totalizando 70,8% da variação total.

Quando somados os valores de abundância para os dois métodos (*Pitfall traps* e TSBF) (Figuras 2.2-E e 2.2-F) e submetidos a ACP verificou-se que algumas famílias mantiveram as associações com os SUS, independentemente do método de amostragem, por exemplo, Oonopidae e Amaurobiidae foram mais frequentes em FN. Além disso, pode-se verificar um aumento considerável no número de famílias com 17 famílias no verão, 19 famílias no inverno quando comparado as 15 e 16 famílias capturadas no inverno e verão respectivamente, utilizando as armadilhas de solo (Figuras 2.2-A e 2.2-B) e as 8 e 9 utilizando o método TSBF (Figuras 2.2-C e 2.2-D).

Tanto as famílias de aranhas como os parâmetros físicos e químicos a elas relacionados, variaram de acordo com o SUS e com a época de amostragem, evidenciando o efeito sazonal na avaliação da biodiversidade de famílias de aranhas, sugerindo que além dos atributos do solo, aspectos mais subjetivos como microclima e umidade sejam condicionantes indiretos das populações de aranhas.

Figura 2.2: análise de componentes principais (ACP) para as famílias de aranhas (em itálico) e variáveis ambientais explicativas (em vermelho) e os sistemas de floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), Integração Lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) na região Oeste de Santa Catarina em duas épocas contrastantes: (Inverno e Verão). A = Inverno Pitfall traps, B = Verão Pitfall traps, C = Inverno TSBF, D = Verão TSBF, E = Inverno TSBF + Pitfall, F= Verão TSBF + Pitfall. MO = matéria orgânica; Mg = magnésio; RP= resistência a penetração de raízes; DMP = diâmetro médio ponderado; Micro = microporosidade; Macro = macroporosidade; COT = carbono orgânico total; Al = alumínio; Ds = densidade; Ca= cálcio; Bio = bioporos; N = nitrogênio. C.P.1 = Componente Principal 1; C.P.2 = Componente Principal 2.

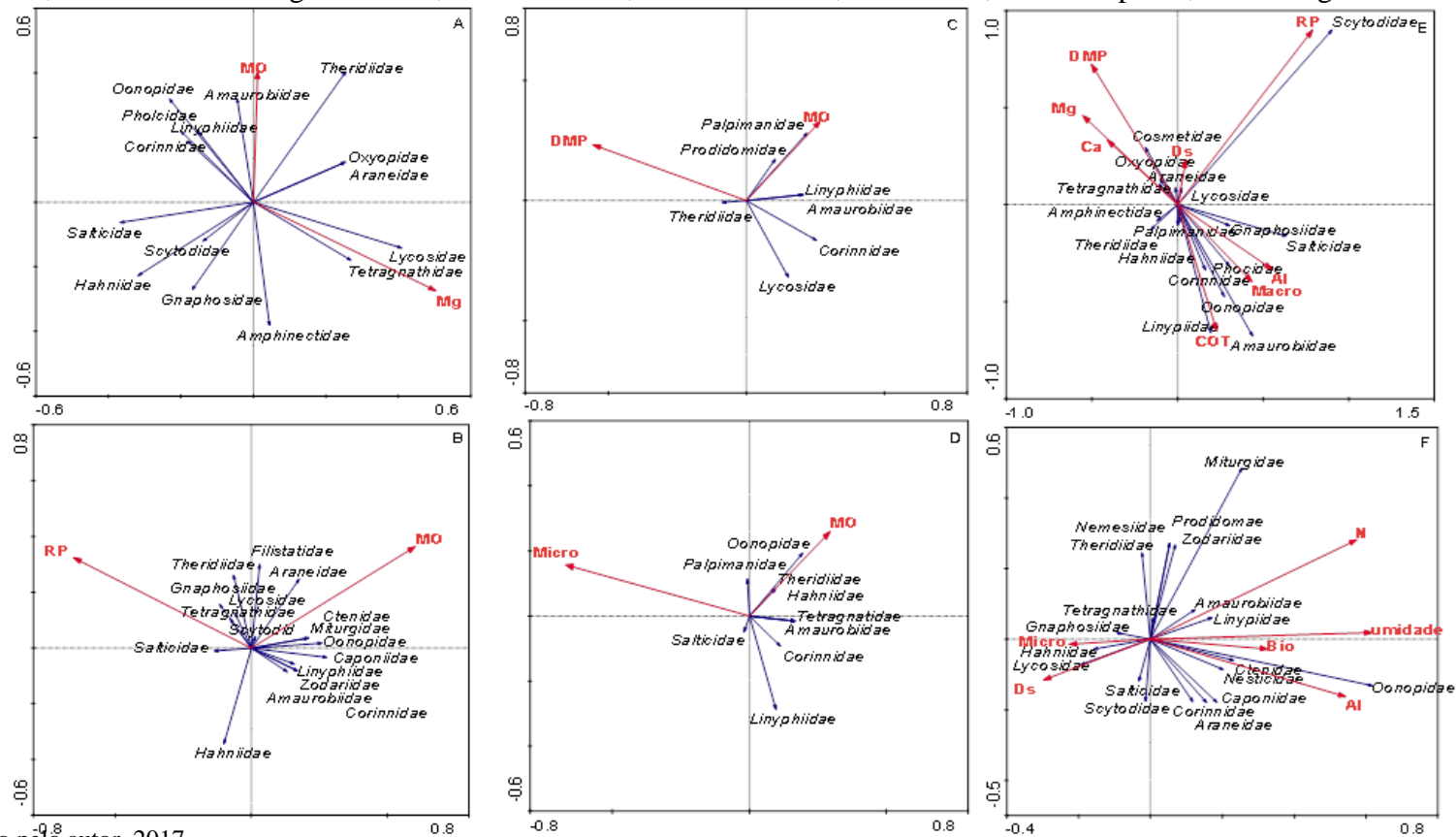


Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

A análise de redundância (RDA) demonstrou que, de todos os parâmetros físicos e químicos, apenas alguns estiveram fortemente relacionados à algumas famílias de aranhas. Para armadilhas de solo (Figuras 2.3-A e 2.3-B), o teor de matéria orgânica (MO) esteve correlacionado com Amaurobiidae, Theridiidae, Oonopidae, Pholcidae, Linyphiidae e Corinnidae. Os teores de magnésio (Mg) correlacionaram-se principalmente com Tetragnathidae, e Lycosidae. Durante o verão Resistência a Penetração (RP) demonstra alta correlação com as famílias Gnaphosiidae, Salticidae, Theridiidae e Tetragnathidae enquanto MO apresentou forte relação com Ctenidae, Miturgidae, Oonopidae, Araneidae e Filistatidae.

Para o método TSBF o diâmetro médio geométrico (DMP) apresentou correlação com Theridiidae e Prodidomidae e os teores de MO correlacionaram-se com Palpimanidae e Prodidomidae (Figuras 2.3E e 2.3F). Durante o verão a MO foi o atributo que apresentou maior correlação com a maior parte das famílias de aranhas. A integração dos dois métodos submetidos à RDA demonstrou aumento do número de variáveis físicas e químicas selecionadas pelo modelo estatístico, permitindo desta forma, maior fidedignidade nos resultados. Dentre as variáveis físicas e químicas que mais se correlacionaram com as famílias de aranhas destacam-se: resistência à penetração (RP), densidade (Ds), macroporosidade (Macro), bioporos (Bio), cálcio (Ca), magnésio (Mg) e carbono orgânico total (COT).

Figura 2.3: Análise de redundância (RDA) para as famílias de aranhas (em itálico) e sua relação com os atributos edáficos (em vermelho) independente do Sistema de uso do Solo (SUS) estudado, na região Oeste de Santa Catarina em duas épocas de amostragem: (Inverno e Verão) A = Inverno Pitfall, B = Verão Pitfall, C = Inverno TSBF, D = Verão TSBF, E = Inverno TSBF + Pitfall, F= Verão TSBF + Pitfall, MO = matéria orgânica; Mg = magnésio; RP= resistência a penetração de raízes; DMP = diâmetro médio ponderado; micro = microporosidade; macro = macroporosidade; COT = carbono orgânico total; Al = alumínio; Ds = densidade; Ca= cálcio; Bio = bioporos; N = nitrogênio.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

2.3 DISCUSSÃO

Ressalta-se que a diversidade de famílias de aranhas foi inversamente proporcional à intensidade de manejo aplicado nos sistemas estudados: quanto maior a intensidade, menor a diversidade e quanto menor a intensidade, maior a diversidade. Isto se justifica, especialmente por que as aranhas são reguladores biológicos importantes na cadeia trófica e sua ocorrência está condicionada à complexidade biológica existente nos diferentes compartimentos ecológicos, quer seja solo ou serapilheira, e na interação entre estes dois (LIU et al., 2015a, 2015b). A esse respeito, constata-se que a floresta nativa (FN) teve a maior diversidade de aranhas, independentemente da época de amostragem, possivelmente pela cobertura vegetal, que mantém o microclima e umidade, além da diversidade de micro habitats e de recursos que ocorre neste local (MALUMBRES-OLARTE et al., 2013).

As flutuações populacionais observadas nos agroecossistemas se devem à sazonalidade nas condições edafoclimáticas e também devido à modificação da estrutura vegetal, que podem ser denominadas de estressores ambientais, especialmente nos sistemas agrícolas (ILP e PD), cujo manejo, apesar de ser conservacionista, ainda utiliza agrotóxicos para o controle de pragas. Neste sentido chama-se atenção para a interação existente entre as práticas de manejo, como aplicação de insumos, trânsito de máquinas e alteração da cobertura vegetal, que podem ser fatores críticos de estresse para as comunidades ali estabelecidas. Segundo MANTYKA-PRINGLE et al. (2015) fatores de estresse ambiental podem, aliado às mudanças climáticas globais, constituir um fator crítico na perda da biodiversidade de modo geral. A relação entre a diversidade de aranhas e o tipo de vegetação já foi reportada por BALDISSERA et al., (2008) especialmente em áreas de araucária e eucalipto.

A baixa diversidade de aranhas encontrada em ILP pode estar relacionada, além da baixa diversidade florística a qual as famílias de aranhas são dependentes (MALUMBRES-OLARTE et al., 2013), à entrada de gado, (Anexo 1), que além de alterar os atributos físicos do solo, como densidade do solo (Ds), resistência à penetração (RP), pode também colaborar indiretamente como fator limitante no estabelecimento de aranhas. Neste sentido, KAJAK et al. (1999), demonstraram que a Ds é um dos fatores responsáveis pela redução de aranhas em áreas de pastagem perene, e que a umidade do solo também afeta diversidade destes organismos.

Destaca-se que os sistemas com menor diversidade vegetal (RE e PA), independentemente do método e época de amostragem apresentaram baixa diversidade de aranhas (< 0,5). BARETTA et al. (2007) relataram que as aranhas têm maior preferência por

área com maior diversidade de resíduos vegetais. HEMM & HÖFER (2012) demonstraram que o estágio sucessional da comunidade vegetal delimita micro habitats favoráveis para aranhas, o que pode explicar a preferência destes organismos por áreas com menor grau de intervenção antrópica.

A sensibilidade das aranhas ante as respostas do manejo do solo foram estudadas por LAFAGE E PÉTILLON (2014) e encontraram alta reposta em curto prazo no manejo de áreas de pastagem perene no oeste da França. As condições de manejo foram as principais causas da redução da diversidade de aranhas em outro estudo conduzido por ALCAYAGA et al. (2013) especialmente pela desestruturação da vegetação e umidade do solo. No Brasil, BARETTA et al. (2007) verificaram que eventos drásticos, como queimadas acidentais em áreas de araucária e pastagens no Estado de São Paulo afetaram a diversidade de famílias de aranhas.

Considerando o gradiente antrópico estabelecido, FN é considerada o ambiente mais conservado e PD a condição com maior interferência do manejo. Isso foi observado nas coletas utilizando o método TSBF, possivelmente por priorizar organismos edáficos-*stricto*, ao passo que as *Pitfall traps* tem maior sensibilidade para organismos epigeicos. Assim, a variação na riqueza e abundância de organismos entre os métodos de amostragem deve ser considerada nas avaliações de aranhas.

Uma das grandes limitações na avaliação da biodiversidade de aranhas está relacionada às métricas utilizadas (AUBIN et al., 2013). A maior parte dos trabalhos tem utilizado N amostral pequeno e apenas um único método para captura da biodiversidade de determinada espécie, não levando em consideração as variáveis ambientais que são importantes condicionantes para este grupo taxonômico. O número considerável de famílias de aranhas capturadas pelas armadilhas de solo seria um bom ponto de partida para compreender a estrutura da comunidade de aranhas, no entanto, esse método está mais associado a famílias menos exigentes em termos de variáveis ambientais e que habitam diversos compartimentos dos ambientes, quer seja solo ou serapilheira.

Desta forma alguns autores apontam que, a composição vegetal do local avaliado cria uma estrutura de habitat favorável para o desenvolvimento deste táxon (D'ALBERTO et al., 2012; RODRIGUEZ-ARTIGAS et al., 2016). Aranhas são dependentes de uma cadeia trófica bem estabelecida e, portanto precisam forragear ativamente ou através da construção de teias, independentemente da sua estratégia de alimentação. Assim, entende-se que um ambiente com diversificação de estrutura vegetal atrai outros organismos que serão predados pelas aranhas. Contudo, os locais onde realizamos as coletas formam um gradiente de intensificação onde floresta nativa (FN) é o mais estável e o plantio direto (PD) o menos estável.

A baixa riqueza e abundância de aranhas capturadas pelo método TSBF especialmente em PD reflete a principal limitação do método: captura de aranhas que são edáfico estritas, ou seja, forrageiam apenas o solo e na serapilheira como, por exemplo, Palpimanidae que foi encontrada apenas nas coletas onde o método TSBF foi utilizado e para esta família as *Pitfall traps* não foi efetivo, pois de modo geral essa família não percorre longas distâncias em busca de alimento. Esse comportamento já foi relatado por CERVEIRA E JACKSON, (2005), ao avaliar o comportamento predatório de *Palpimanus* sp. Quando perturbadas, essas aranhas tendem a mover-se pouco e permanecer inativas, neste sentido, a baixa mobilidade facilita a captura através do método TSBF.

Embora o método TSBF seja internacionalmente reconhecido e sua efetividade testada para organismos do solo, para aranhas a amplitude amostral é maior quando combinado com as *Pitfall traps* principalmente por que aumenta o número de morfoespécies gêneros capturados dando maior capacidade de interpretação dos compartimentos ecológicos em que se encontram. Reitera-se que o papel ecológico das aranhas é determinante para o controle da cadeia alimentar e portanto enfatizamos que a avaliação global das espécies é necessária em todos os compartimentos do ecossistema quer seja extrato terrestre ou arborícola.

Essa condição de amostragem combinada aparentemente pode não contemplar as premissas básicas dos métodos quantitativos ou qualitativos, como impossibilidade de extrapolação do número de indivíduos por metro quadrado, coletados pelo método de armadilhas (*Pitfall*), como normalmente são expressos os resultados oriundos do método TSBF. Quando unidos os dois métodos de amostragem tal extrapolação não é possível, no entanto deve-se buscar uma nova concepção de amostragem voltada para biodiversidade de organismos edáficos, no sentido de ampliar o número de famílias de aranhas coletadas, e desta forma aumentar o conhecimento sobre esse táxon nas áreas amostradas, tendo em vista que os métodos de amostragem sejam complementares. Contudo, destaca-se que métodos quantitativos e qualitativos utilizados, apesar de tradicionais, apresentam as limitações inerentes a todo e qualquer método e a combinação de ambos métodos pode minimizar essas limitações.

Ante o exposto faz-se necessário reiterar que o maior refinamento nas informações (maior número de espécies) taxonômicas, respalda maior suporte estatístico quando correlacionadas com os parâmetros ambientais (atributos físicos e químicos do solo), de forma a selecionar variáveis que possam orientar práticas de manejo e serem indicadores importantes do condicionamento das populações de aranhas nos sistemas estudados. Assim, podem ser direcionados, por exemplo, usos do solo que favoreçam o aumento de alguns parâmetros como

matéria orgânica, bioporos, macroporosidade, cálcio e magnésio etc., e conseqüentemente aumentem a biodiversidade de aranhas.

2.4 CONCLUSÕES

1. A floresta nativa e os sistemas com menor grau de intervenção antrópica (reflorestamento de eucalipto e pastagem perene) apresentaram maior diversidade de aranhas. Já na área de plantio direto houve redução drástica de indivíduos na amostragem, o que indica efeito negativo da intensidade de uso do solo sobre a biodiversidade de aranhas.

2. O uso e manejo do solo condicionam famílias específicas de aranhas, evidenciando Lycosidae e Salticidae como mais resistentes aos impactos ambientais e outras mais sensíveis, como por exemplo, Oonopidae e Amaurobiidae;

3. As armadilhas de solo (*Pitfall traps*) são mais sensíveis para famílias de aranhas que habitam a superfície do solo, enquanto que o método TSBF é mais sensível para organismos que vivem apenas no solo (*edáfico-stricto*).

4. Recomenda-se a utilização concomitante dos dois métodos de amostragem a fim de conseguir captar a maior diversidade de famílias de aranhas, tornando trabalhos de inventários e monitoramento mais efetivos e abrangentes.

REFERÊNCIAS

ALCAYAGA, O. E. et al. Arañas (Arachnida, Araneae) asociadas a agroecosistemas en el Valle de Elqui (Región de Coquimbo, Chile). **Revista Colombiana de Entomología**, v. 39, n. 1, p. 150–154, 2013.

ANDERSON, J.M. et al. **Tropical soil biology and fertility: a handbook of methods**. 2nd ed. Wallingford: CAB International; 1993

AUBIN, I. et al. Can a trait-based multi-taxa approach improve our assessment of forest management impact on biodiversity? **Biodiversity and Conservation**, v. 22, n. 12, p. 2957–2975, 8 nov. 2013.

BALDISSERA, R. et al. Landscape mosaic of Araucaria forest and forest monocultures influencing understory spider assemblages in southern Brazil. **Austral Ecology**, v. 33, n. 1, p. 45–54, 2008.

BARETTA, D. et al. Trap and soil monolith sampled edaphic spiders (arachnida: araneae) in *Araucaria angustifolia* forest. **Scientia Agricola**, v. 64, n. 4, p. 375–383, 2007.

BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014a.

BARTZ, M. L. C. et al. The influence of land use systems on soil and surface litter fauna in the western region of Santa Catarina. **Revista Ciência Agronômica**, v. 5, p. 880–887, 2014b.

BORGES, P. A. V.; WUNDERLICH, J. Spider biodiversity patterns and their conservation in the Azorean archipelago, with descriptions of new species. **Systematics and Biodiversity**, v. 6, n. 2, p. 249–282, 2008.

CASTRO, A.; WISE, D. H. Influence of fallen coarse woody debris on the diversity and community structure of forest-floor spiders (Arachnida: Araneae). **Forest Ecology and Management**, v. 260, n. 12, p. 2088–2101, 2010.

CERVEIRA, A. M.; JACKSON, R. R. Specialised predation by *Palpimanus sp.* (araneae: palpimanidae) on jumping spiders (araneae: salticidae). **Journal of East African Natural History**, v. 94, n. 2, p. 303–317, jul. 2005.

CHATTERJEE, S.; ISAIA, M.; VENTURINO, E. Spiders as biological controllers in the agroecosystem. **Journal of Theoretical Biology**, v. 258, n. 3, p. 352–362, 2009.

D'ALBERTO, C. F.; HOFFMANN, A. A.; THOMSON, L. J. Limited benefits of non-crop vegetation on spiders in Australian vineyards: regional or crop differences? **BioControl**, v. 57, n. 4, p. 541–552, 28 ago. 2012.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Manual de métodos de análises de solo**. 2.ed. Rio de Janeiro, Embrapa, 1997. 212p.

HEMM, V.; HÖFER, H. Effects of Grazing and Habitat Structure on the Epigeic Spider Fauna in an Open Xerothermic Area in Southern Germany. **Arachnology**, v. 15, n. 8, p. 260–268, ago. 2012.

INDICATTI, R. P. et al. Litter dwelling mygalomorph spiders (Araneae: Microstigmatidae, Nemesiidae) from Araucaria forests in southern Brazil, with the description of five new species. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 25, n. 3, p. 529–546, set. 2008.

JUNG, M.-P. et al. Biodiversity and community structure of ground-dwelling spiders in four different field margin types of agricultural landscapes in Korea. **Applied Soil Ecology**, v. 38, n. 2, p. 185–195, 2008.

KAJAK, A. et al. Long term changes in spider (araneae) communities in natural and drained fens in the biebrza river valley. **Ekológia (Bratislava)**, v. 19, n. 4, p. 55–64, 1999.

LAFAGE, D.; PÉTILLON, J. Impact of cutting date on carabids and spiders in a wet meadow. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 185, p. 1–8, 2014.

LIU, S. et al. Spider foraging strategy affects trophic cascades under natural and drought conditions. **Scientific reports**, v. 5, p. 12396, 2015a.

LIU, S. et al. Spider foraging strategies dominate pest suppression in organic tea plantations. **BioControl**, v. 60, n. 6, p. 839–847, 2015b.

MALUMBRES-OLARTE, J. et al. Habitat specificity, Dispersal and burning season: Recovery indicators in New Zealand native grassland communities. **Biological Conservation**, v. 160, p. 140–149, 2013.

MANTYKA-PRINGLE, C. S. et al. Climate change modifies risk of global biodiversity loss due to land-cover change. **Biological Conservation**, v. 187, p. 103–111, 2015.

ODUM, E.P. **Ecologia**. Rio de Janeiro, Guanabara, 1983. 434p

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. [2.12.2]. Vienna: **R Foundation for Statistical Computing**, 2011

OTT, R. Descrição de duas espécies novas de opopaea do sul do brasil (oonopidae, araneae). v. 93, n. 30, p. 177–182, 2003.

POETA, M. R. M.; MARQUES, M. A. L.; BUCKUP, E. H. Sobre algumas espécies do gênero Eustala (Araneae, Araneidae) do Brasil. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 100, n. 3, p. 267–274, set. 2010.

PREUSS, J.; LUCAS, E. Diversidade de aranhas (Arachnida, Araneae) em um fragmento de floresta estacional decidual, extremo oeste de Santa Catarina, Brasil. **Unoesc & Ciência-ACBS**, p. 37–46, 2012.

RODRIGUEZ-ARTIGAS, S. M.; BALLESTER, R.; CORRONCA, J. A. Factors that influence the beta-diversity of spider communities in northwestern Argentinean Grasslands. **PeerJ**, v. 4, p. e1946, 21 abr. 2016.

SANTA CATARINA. Gabinete de Planejamento e Coordenação Geral. Subchefia de Estatística, Geografia e Informática. **Atlas de Santa Catarina**. Rio de Janeiro: Aerofoto Cruzeiro; 1986.

SCHIRMEL, J. et al. Trait composition and functional diversity of spiders and carabids in linear landscape elements. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 235, p. 318–328, 2016.

SOUZA, S. T. DE et al. Abundance and Diversity of Soil Macrofauna in Native Forest, Eucalyptus Plantations, Perennial Pasture, Integrated Crop-Livestock, and No-Tillage Cropping. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 40, p. 1–14, 2016.

TAUCARE-RÍOS, A.; BUSTAMANTE, R. O. Alien spiders in Chile: evaluating Darwin's naturalization hypothesis. **Journal of Arachnology**, v. 43, n. 1, p. 90–96, abr. 2015.

TEDESCO, M.J et al. **Análise de solo, plantas e outros materiais**. 2.ed. Porto Alegre, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 1995. 147p. (Boletim Técnico, 5).

tER BRAAK CJF, SMILAUER P. Canoco reference manual and user's guide to Canoco for Windows: **software for canonical community ordination** (version 4). Microcomputer Power, New York. 1998.

WILLETT, T. R. Spiders and Other Arthropods as Indicators in Old-Growth Versus Logged Redwood Stands. **Restoration Ecology**, v. 9, n. 4, p. 410–420, dez. 2001.

WORLD SPIDER CATALOG version 17.5 . **World Spider Catalog**. Natural History Museum of Bern, [internet]. Bern, Switzerland. Natural History Museum of Bern; 2016 [acesso em 22 nov 2016]. Disponível em: <http://wsc.nmbe.ch>

CAPÍTULO 3 – DIVERSIDADE DE ARANHAS EDÁFICAS EM SISTEMAS DE USO E MANEJO DO SOLO NA REGIÃO DO PLANALTO SUL CATARINENSE, BRASIL

RESUMO

A capacidade de dispersão e ocorrência das aranhas (Arachnida, Araneae) estão ligadas diretamente às condições de manejo do solo. Objetivou-se com o presente trabalho estudar o efeito do sistema de uso do solo (SUS) sobre a abundância e diversidade das famílias de aranhas edáficas, bem como a relação dessas com os atributos físicos e químicos do solo. Os SUS avaliados foram: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema plantio direto (PD). As amostras foram coletadas em uma grade de amostragem de 3×3 , totalizando nove pontos, distanciados 30m entre si durante o inverno e verão, em três municípios do Planalto Sul-catarinense, considerados réplicas verdadeiras. Foram avaliados atributos físicos e químicos do solo e abundância e diversidade de famílias de aranhas, coletadas pelo método de *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Os resultados foram submetidos à análise de componentes principais (ACP) com os atributos físicos e químicos do solo como variáveis explicativas e análise de redundância (RDA) para verificar a correlação entre os atributos do solo com a abundância de famílias de aranhas. Ao todo foram capturados 448 indivíduos, sendo 152 no inverno e 296 no verão, distribuídos em 26 famílias, 52 espécies e 8 gêneros. Houve efeito da sazonalidade entre os sistemas de uso e a maior diversidade de Shannon Wiener foi registrada em floresta nativa em ambas as épocas de amostragem. A maior parte das famílias de aranhas possui dependência direta dos atributos físicos e químicos do solo, como: microporosidade e alumínio trocável, cálcio, magnésio e potássio durante o inverno. Matéria orgânica, nitrogênio, pH em água, diâmetro médio ponderado, densidade do solo e carbono da biomassa microbiana apresentaram dependência durante o verão. O tipo de vegetação e o manejo são fatores que aparentemente mais afetam as famílias de aranhas. As famílias Theridiidae e Nemesiidae são dependentes de locais com baixa intervenção antrópica (FN, RE e PA).

Palavras chave: Agricultura 1, biodiversidade 2, biologia do solo 3, ecologia do solo 4

ABSTRACT

The ability to spread and occurrence of spiders (Arachnida, Araneae) is directly related to soil management conditions. The objective of this work was to study the effect of land use system (SUS) on the abundance and diversity of soil families of spiders, and their relationship with soil

physical and chemical properties. The evaluated SUS were native forest (NF), eucalypt plantations (EP), perennial pasture (PA), integrated crop-livestock (CLI) and no tillage system (NT). Samples were collected on a sampling grid of 3×3 , totaling nine points, spaced 30m each other during winter and summer, in three municipalities of South Santa Catarina Plateau, considered true replicas. We evaluated soil physical and chemical properties and abundance and diversity of spider families, collected by hand sorting (TSBF) and *Pitfall traps* methods. Results were subjected to principal component analysis (PCA) using soil physical and chemical properties as explanatory variables and redundancy analysis (RDA) to verify the correlation between soil properties and spider abundance. 448 individuals were captured, 152 in winter and 296 in summer, distributed in 26 families, 52 species and 8 genera. There was a seasonality effect related to land use and the highest Shannon Wiener diversity index was recorded in native forest in both sampling periods. Most families of spiders have direct dependence on physical and chemical soil properties, such as microporosity, exchangeable aluminum, calcium, magnesium and potassium during the winter. Organic matter, nitrogen, water pH, weighted average diameter, soil density and microbial biomass carbon had dependence during the summer. The vegetation type and soil management are factors that most affect the families of spiders. The Theridiidae and Nemesiidae families are dependent on sites with low human intervention (NF, EP and PA)

Keywords: Agriculture 1, Biodiversity 2, Soil biology 3 , Soil ecology 4.

3.1 INTRODUÇÃO

As aranhas são dentre os artrópodes, um dos grupos mais bem conhecidos e diversificados, ocupando diferentes nichos e com distribuição cosmopolita, característica essa que lhes é conferida basicamente pela capacidade de exploração e adaptação a diversas composições ecológicas (MADER et al., 2016). São predadoras ativas e auxiliam diretamente no controle de populações mantendo o equilíbrio dos ecossistemas. No entanto, o efeito da ação humana sobre as paisagens tem levado a perdas crescente na biodiversidade em várias escalas, tanto vegetal como animal, especialmente pelo manejo intensivo, uso de fertilizantes inorgânicos e pesticidas (KOVÁCS-HOSTYÁNSZKIA et al., 2015; SAS-KOVÁCS et al., 2015).

A agricultura convencional é uma das principais causas do declínio da biodiversidade, basicamente por reduzir a cobertura vegetal. A monocultura diminui a complexidade estrutural das comunidades vegetais que frequentemente é associada à baixa diversidade de outros grupos

taxonômicos (CHEN; FATH; CHEN, 2011; BARSOUM et al., 2014) pelo fato das aranhas serem predadoras e dependentes da heterogeneidade organizacional da fauna edáfica, mudanças na vegetação podem causar o declínio das populações deste táxon. O monocultivo juntamente com a supressão dos remanescentes de mata representam um desafio em termos de gestão de agroecossistemas, especialmente por reduzir a diversidade da fauna do solo, sobretudo das comunidades de aranhas (CAMARA et al., 2012). Por outro lado, manejos mais diversificados como plantio direto e integração lavoura-pecuária podem contribuir para produção sustentável de alimentos, principalmente quando aliados à rotação de culturas, o que gera biomassa vegetal diversa em quantidade e qualidade, atraindo outros organismos que servem de presas para as aranhas (LIU et al., 2015).

Os fragmentos de mata são apontados por alguns autores como zonas de amortecimento em áreas impactadas pela atividade agrícola (JESUS et al., 2015; MORAES et al., 2015), por atuarem como refúgio temporário aos organismos do solo. Por outro lado, o manejo do solo pode acarretar distúrbios, em muitos casos, irreversíveis para a fauna edáfica e os fragmentos de floresta nativa atuam como refúgio condicional para o estabelecimento das populações de aranhas (MINEO et al., 2010).

Diversos estudos têm demonstrado que as aranhas podem ser indicadores eficazes de ambientes modificados (BORCHARD et al., 2014; HAASE; BALKENHOL, 2015; MUMME et al., 2015; BALKENHOL; HOHBERG; PFANZ, 2016). A presença de aranhas normalmente é um indicativo de disponibilidade de recursos alimentares no ambiente e por isso normalmente estes organismos são associados à qualidade estrutural dos ecossistemas, devido ao controle biológico que exercem no solo. Apesar dessa importância, pouco se sabe sobre araneofauna catarinense, especialmente em áreas agrícolas.

Neste sentido, o presente estudo objetivou avaliar a diversidade de famílias de aranhas na região do Planalto Sul catarinense em sistemas de uso e manejo do solo, de forma a identificar variações na riqueza e abundâncias destes organismos em função do gradiente de intensificação de uso.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Caracterização das áreas de estudo

O estudo foi realizado no Planalto Sul Catarinense, abrangendo sistemas de uso do solo (SUS) com crescente intensidade de intervenção antrópica, a saber: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e

sistema plantio direto (PD). Os locais foram selecionados de acordo com características geográficas, relevo, altitude e solos representativos da região em três municípios: em Campo Belo do Sul e Lages, em um Nitossolo Bruno e em Otacílio Costa, em um Cambissolo Húmico. Outras informações sobre o histórico de uso das áreas e esquema amostral podem ser obtidas em BARTZ et al. (2014a); ROSA et al. (2015) e no anexo 1.

3.2.2 Métodos de amostragem

Para a coleta das espécies de aranhas delimitou-se uma área de 1 ha em cada SUS constituída por grade amostral de 3 x 3, com espaçamento de 30 m, respeitando 20 m de bordadura, num total de 270 pontos (inverno + verão) para cada método, totalizando 540 pontos amostrais. Os locais de amostragem em cada município foram considerados como réplicas verdadeiras dos SUS.

As coletas das aranhas foram realizadas pelos métodos *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) em monólitos (ANDERSON & INGRAM, 1993) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*), conforme metodologia descrita por BARETTA et al. (2007); com amostragem no inverno de 2011, nos meses de junho e julho, e verão, nos meses de dezembro de 2011 e janeiro de 2012. Períodos estes em que as condições de temperatura e precipitação são representativas do ambiente regional (SANTA CATARINA, 1986). A área de amostragem no método de TSBF em cada ponto foi de 25 x 25 cm, escavando o solo a 20 cm de profundidade. O solo coletado foi acondicionado em sacos plásticos e levados ao laboratório onde ocorreu triagem manual, com o auxílio de iluminação artificial.

As armadilhas de queda (*Pitfall traps*) com diâmetro de 7 cm foram instaladas ao nível do solo, contendo aproximadamente 200 mL de água + detergente neutro. Distanciadas 30 centímetros dos pontos de coleta do método de TSBF e deixadas a campo por três dias e posteriormente recolhidas, levadas ao laboratório onde os organismos coletados foram separados com auxílio de peneiras de 0,125 mm. Todos os organismos encontrados foram fixados em álcool 80%, e encaminhados para identificação em nível de espécie, no Instituto Butantan. Todo o material foi depositado na coleção de Aracnídeos do Laboratório de Artrópodes do Instituto Butantan (A.D. Brescovit, curador).

3.2.3 Avaliação das variáveis ambientais explicativas

Ao redor dos pontos de coleta das aranhas foram coletadas 15 subamostras de solo na camada de 0 a 20 cm, que foram homogeneizadas para formar uma amostra composta. Esta

amostra foi utilizada para avaliação dos atributos químicos, conforme metodologias de TEDESCO et al. (1995).

A granulometria do solo foi determinada pelo método da pipeta na mesma amostra da análise química (GEE & BAUDER, 1986). Amostras com estrutura preservada do solo também foram coletadas ao lado dos pontos onde foram coletadas as aranhas. Uma porção de torrões foi utilizada para determinar a estabilidade de agregados, de acordo com o método de peneiramento úmido de KEMPER & CHEPIL (1965). Anéis volumétricos retirados nesses pontos foram utilizados para determinar a densidade do solo (Ds) e microporosidade (Micro), como descritos em EMBRAPA (1997). O carbono da Biomassa Microbiana (Cmic) foi determinado pelo método de fumigação-extração conforme proposto por VENCE et al. (1987). Os atributos químicos do solo foram analisados conforme TEDESCO et al. (1995), com determinação de pH em água (pH), acidez potencial (índice SMP), fósforo (P), potássio (K), matéria orgânica (MO), alumínio trocável (Al^{3+}), cálcio (Ca^{2+}), magnésio (Mg^{2+}), acidez potencial (H+Al) e capacidade de troca de cátions (CTC) a pH 7,0.

3.2.4 Métricas de diversidade

O índice de Shannon Wiener (H') foi calculado para verificar como as pressões ambientais (intensificação de uso do solo) poderiam interferir na distribuição das famílias de aranhas, sendo calculados conforme proposto por ODUM (1988).

3.2.5 Análise estatística

Os dados de abundância total dos dois métodos foram somados a fim de minimizar as limitações dos métodos e posteriormente, os valores obtidos, foram utilizados para a obtenção do comprimento de gradiente (DCA), conforme proposto por ter Braak & Smilauer (1998). A comparação da abundância das famílias de aranhas e os SUS de estudo se deu pela análise de componentes principais (ACP). Os atributos físicos e químicos foram considerados variáveis ambientais explicativas, onde, os parâmetros colineares foram removidos do modelo estatístico e posteriormente utilizados para estabelecer a correlação entre estes e as famílias de aranhas na análise de redundância (RDA) utilizando o programa CANOCO (ter BRAAK & SMILAUER, 1998). Os valores de H' foram comparados ponto a ponto ($n=27$) pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade pelo programa estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011).

3.3. RESULTADOS

Ao todo, nos métodos de coleta e nos sistemas de uso do solo (SUS) foram capturados 448 indivíduos, sendo 152 no inverno e 296 no verão, distribuídos em 26 famílias, 52 espécies e 8 gêneros (Tabela 3.1). Verificou-se diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os SUS avaliados. A maior diversidade (H') foi registrada em FN, seguido de $PA > RE = ILP > PD$ durante o verão. No inverno as diversidades seguiram o gradiente de antropização $FN > RE > PA > ILP > PD$ (Tabela 3.1).

Tabela 3.1. Abundância total de aranhas encontrada utilizando dois métodos (TSBF e armadilhas) de coleta em sistemas de floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) no inverno e verão no Planalto Sul Catarinense. Táxons seguidos de “*” indicam a impossibilidade de identificação morfológica. Médias seguidas da mesma letra na linha, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Família/Gênero/Espécie	Inverno					Verão				
	FN	RE	PA	ILP	PD	FN	RE	PA	ILP	PD
Amaurobiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>N.I. sp.2*</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>gen.? sp.1*</i>	5	2	0	0	0	0	0	0	0	0
Amphinectidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Metaltella sp.1</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Araneidae	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Corinnidae	1	2	0	0	0	0	1	2	1	0
<i>Corinna sp.1</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Castianeira sp.</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Orthobula sp.1</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Cosmetidae	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Ctenidae	0	0	0	0	0	1	4	0	1	0
<i>Isoctenus ordinario</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Isoctenus sp.1</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Dipluridae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mecicobothrium baccai</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Filistatidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Misionella mendensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gnaphosidae	0	1	2	1	0	0	3	0	0	0
<i>Zimiromus sp.1</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1
<i>Apopyllus sp.1</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0

Hahniidae	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
<i>Neohahnia</i> sp.1	0	2	0	0	1	0	3	2	3	1
<i>Neohahnia</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	1	1	7
<i>Gen. ?</i> sp.1*	0	0	0	0	0	4	1	0	0	0
Linyphiidae	6	4	1	6	1	21	7	4	6	6
<i>Erigone</i> sp.1	3	0	2	4	0	0	0	3	4	3
<i>Erigone</i> sp.2	0	0	1	2	0	0	2	0	3	3
<i>Laminacauda</i> sp.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Agyneta</i> sp.1	1	0	1	2	2	3	7	3	2	2
<i>Agyneta</i> sp.2	0	0	0	0	0	1	0	0	3	0
<i>Mermessus</i> sp.1	1	0	4	2	0	6	0	0	1	0
<i>Neomaso</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Ostearius</i> sp.1	0	0	1	8	1	0	1	0	0	4
<i>Sphecozone novaetentoniae</i>	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0
<i>Meioneta</i> sp.1	0	1	1	0	0	4	0	0	0	0
<i>Neomaso</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Moyosi</i> sp.1	0	0	0	0	0	2	0	1	0	0
<i>Exocora ribeiroi</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>N.I.</i> sp.1*	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0
Lycosidae	9	1	2	10	5	16	7	13	11	10
<i>Lycosa erythrognatha</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Lobizon humilis</i>	3	1	0	0	2	11	1	1	0	0
<i>Trochosa</i> sp.1	0	1	1	0	0	0	1	0	2	2
<i>Trochosa</i> sp.2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Schizocosa</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Miturgidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Odo</i> sp.1	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mysmenidae	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Microdipoena</i> sp.1	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Nemesiidae	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nesticidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nesticella</i> sp.1	4	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Oxyopidae	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Palpimanidae	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Pholcidae	2	0	0	0	0	1	1	1	0	0
<i>Mesabolivar aff. difficilis</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Prodidomidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gen.1</i> sp.1*	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
Salticidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Corythalia</i> sp.1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1

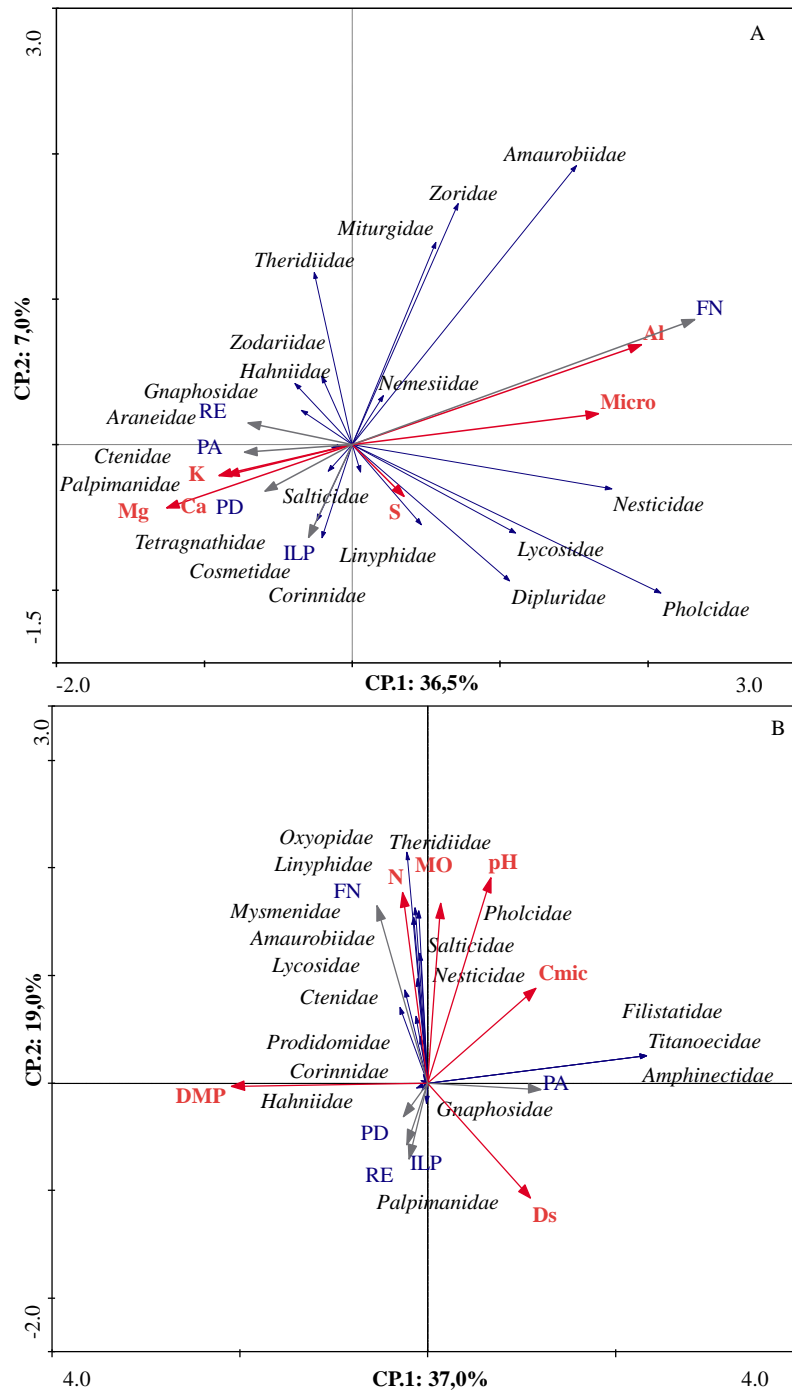
<i>Corythalia</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Scytodidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glenognatha australis</i>	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0
Theridiidae	1	3	0	0	0	1	0	0	0	2
<i>Euryopsis</i> sp.1	0	0	1	0	0	4	0	3	1	0
<i>Guaraniella</i> sp.1	3	1	1	0	0	3	3	0	1	0
<i>Styposis</i> sp.1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Dipoena pumicata</i>	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0
<i>Styposis sellis</i>	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0
<i>Thymoites</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Stemmops</i> sp.1.	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Titanoecidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Goeldia</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Zodariidae	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zoridae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Odo</i> sp.	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Total de indivíduos	53	24	23	38	14	107	51	43	52	43
Índice de Diversidade (H')	0,44a	0,17b	0,18b	0,17b	0,03b	0,63a	0,41ab	0,31ab	0,30ab	0,22ab
Riqueza Total	21	15	16	11	7	26	22	20	18	13

A riqueza de gêneros obedeceu a seguinte ordem FN, RE e PA com 26, 22 e 20 gêneros no verão respectivamente. Durante o inverno a riqueza de gêneros diminuiu conforme a intensidade de uso, sendo maior na FN (21), seguido por RE (15), PA (16), ILP (11) e PD (07), respectivamente, evidenciando, que a modificação na complexidade vegetal reduz a biodiversidade de aranhas edáficas.

A análise de componentes principais explicou 43,5% da variação total, sendo 36,5% proveniente da componente principal 1(CP1) e 7,0% da CP2 durante o inverno e 56,0% durante o verão, onde a CP1 explicou 37,0% e a CP2 explicou 19,0% (Figura 3.1).

Entre os sistemas de uso verificou-se que as famílias Nesticidae, Linyphiidae, Pholcidae, Amaurobiidae, Zoridae, Miturgidae, Lycosidae Dipluridae Nemesiidae estiveram mais associadas à FN. Theridiidae, Zodaridae, Hahniidae, Gnaphosidae, Araneidae ficaram associadas a RE, enquanto os sistemas com maior nível de intervenção antrópica (PA, ILP e PD) agruparam as famílias Ctenidae, Palpimanidae, Tetragnathidae, Cosmetidae, Corinnidae e Linyphiidae durante o inverno (Figura 3.1A).

Figura 3.1. Análise de componentes principais (ACP); Inverno (A), Verão (B), para famílias de aranhas do solo na região do Planalto Sul Catarinense (n=27) em cada sistema de uso: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Potássio (K), Magnésio (Mg), Cálcio (Ca), Alumínio trocável (Al), Microporosidade (Micro), Enxofre (S), Densidade (Ds), Diâmetro Médio Ponderado (DMP), Nitrogênio (N), Matéria Orgânica (MO), Carbono Microbiano (Cmic).



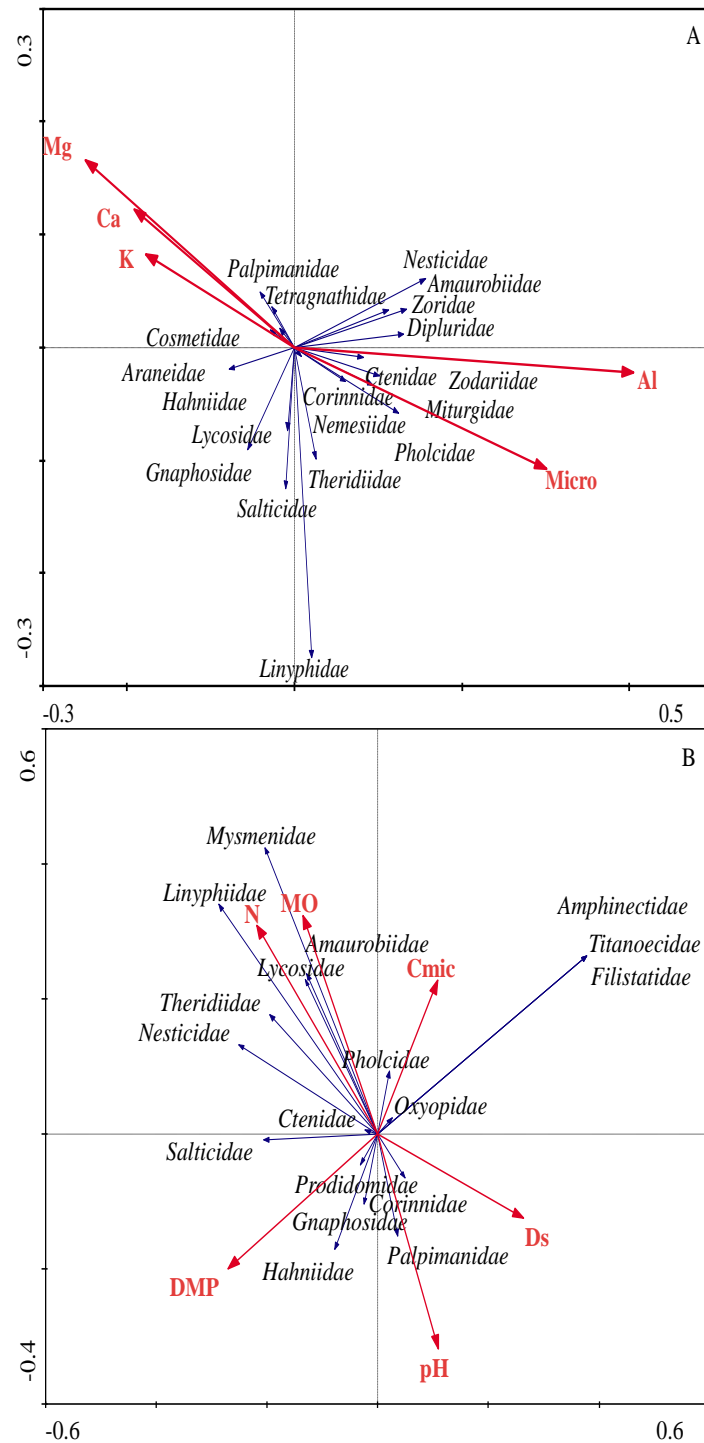
Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

Durante o verão as famílias Oxyopidae, Linyphidae, Mysmenidae, Lycosidae, Ctenidae, Prodidomidae, Theridiidae, Pholcidae, Salticidae e Nesticidae estiveram mais associadas à FN. Filastaridae, Titanoecidae e Amphinectidae ficaram mais relacionadas ao sistema PA. Palpimanidae, Hahniidae e Gnaphosidae estiveram mais associadas aos sistemas PD, RE e ILP (Figura 3.1B).

Dentre os atributos físicos e químicos do solo que apresentaram correlação com as famílias de aranhas durante o inverno destacaram-se microporosidade (Micro), alumínio trocável (Al^{3+}), cálcio (Ca^{2+}), magnésio (Mg^{2+}) e potássio (K). Destes, os teores de Ca^{2+} , Mg^{2+} e K correlacionaram-se com as famílias Palpimanidae, Tetragnathidae, Cosmetidae, Araneidae, Hahniidae, Lycosidae, Gnaphosidae e Salticidae, enquanto as famílias Nesticidae, Amaurobiidae, Zoridae, Dipluridae, Zodaridae, Ctenidae, Miturgidae, Pholcidae, Corinnidae, Nemesiidae, Theridiidae e Linyphidae apresentaram correlação com Al^{3+} e Microporosidade (Figura 3.2B).

Para as amostragens efetuadas durante o verão os atributos físicos, químicos e microbiológicos que tiveram correlação com as famílias de aranhas foram matéria orgânica (MO), nitrogênio (N), pH em água (pH), diâmetro médio ponderado (DMP), densidade do solo (Ds) e carbono da biomassa microbiana (Cmic). Destes destacaram-se o pH e a Ds correlacionados com as famílias Corinnidae e Palpimaniidae quanto o DMP ficou fortemente relacionado com a abundância de com Salticidae, Prodidomidae, Gnaphosidae e Hahniidae. Por outro lado o N e a MO favoreceram a presença das famílias Mysmenidae, Linyphidae, Theridiidae, Nesticidae, Amaurobiidae, Lycosidae e Ctenidae, enquanto o Cmic teve relação direta com as famílias Amphinectidae, Titanoecidae, Oxyopidae e Filistatidae (Figura 3.2A).

Figura 3.2. Análise de Redundância (RDA); A = Inverno, B = Verão, para famílias de aranhas do solo na região do Planalto Sul Catarinense (n=27) em cada sistema de uso: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Potássio (K), Magnésio (Mg), Cálcio (Ca), Alumínio trocável (Al), Microporosidade (Micro), Enxofre (S), Densidade (Ds), Diâmetro Médio Ponderado (DMP), Nitrogênio (N), Matéria Orgânica (MO), Carbono Microbiano (Cmic).



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

3.4 DISCUSSÃO

A riqueza de famílias de aranhas respondeu a sazonalidade especialmente pelas modificações na estrutura vegetacional dos sistemas de uso e manejo avaliados. Resultados semelhantes foram obtidos por MARÍN et al. (2015), que encontraram diferenças significativas entre as épocas de amostragem, na estrutura das comunidades de aranhas em plantações de café no México. No presente estudo, as famílias mais abundantes foram Linyphiidae (40%), Lycosidae (27,9%) e Theridiidae (8%), independente do SUS, corroborando com os achados de MARÍN et al. (2015) e LOPES et al. (2009) que também encontraram maiores proporções de Linyphiidae e Lycosidae em locais com diferentes tipos de cobertura vegetal.

O tipo de vegetação atua como filtro para as famílias de aranhas e isso também foi relatado por BUCHHOLZ (2016) ao estudar famílias de aranhas em áreas de turfeiras com diferentes composições florísticas, com maior relação entre aranhas de tamanho corporal maior em locais com vegetação mais densa e aranhas menores em áreas onde a vegetação predominante era formada por musgos. Segundo esse autor as famílias Linyphiidae e Theridiidae ocorrem mais frequentemente em estratos superiores da vegetação, corroborando os resultados do presente estudo, cuja floresta nativa concentrou a maior parte dos indivíduos destas famílias.

As mudanças no padrão de distribuição entre as épocas de amostragem se devem provavelmente pela característica de cada um dos tipos de uso do solo e pela complexidade da estrutura vegetal em cada um dos sistemas, que regula microclima e umidade do solo. Chama-se atenção para este último, pois a correlação positiva entre o volume de microporos e determinadas famílias de aranhas (Pholcidae, Theridiidae, Miturgidae, Zodaridae, Nemesiidae) durante o inverno (Figura 3.3A) indica a dependência destas famílias com umidade do solo. Ressalta-se que este atributo físico (microporos) é responsável pela retenção de água no solo.

Contudo, durante o inverno as áreas de floresta nativa (FN) apresentaram diferenças significativas em termos de composição das famílias de aranhas quando comparada aos sistemas mais antropizados (RE, PA, ILP e PD). Durante o verão esse comportamento foi semelhante (Figura 3.2B), no entanto a maior parte das famílias apresentou relação positiva com FN, o que abrigou boa parte dos indivíduos. Enquanto em RE, PD e ILP apenas duas famílias (Gnaphosidae e Palpimanidae) foram mais abundantes, sugerindo que estas duas famílias se adaptam facilmente em locais com alto nível de intervenção antrópica, porém a inexistência de estudos prévios nessa região do estado dificulta qualquer tipo de comparação e discussão sobre esse comportamento.

Em um estudo conduzido por RICHMAN et al. (2011) no deserto Chiuau, no México, as famílias Gnaphosidae e Salticidae foram mais abundantes em pelo menos uma época do ano, embora o deserto seja um ambiente inóspito para muitas espécies e para estas duas famílias a redução de recursos parece não afetar substancialmente sua distribuição, por serem capazes de forragear em muitos ambientes e percorrerem grandes distâncias em busca de alimento e refúgio.

A baixa relação entre as famílias de aranhas e as áreas agrícolas, possivelmente possa ser explicada, pela utilização de agroquímicos nestes locais, que podem matar as aranhas ou reduzir populações de outros artrópodes e isso dificulta o forrageamento em toda a cadeia trófica, refletindo em aranhas, que são predadores secundários. MARLIAC et al. (2016) demonstraram que a aplicação contínua de inseticidas em pomares de maçã no sudeste da França influenciou negativamente na araneofauna quando comparada a produção orgânica de maçã. Resultados semelhantes foram obtidos por MANSOUR & NENTWIG (1988) e LEFEBVRE et al. (2016) que também encontraram relação direta entre ambientes contaminados com compostos químicos e redução da biodiversidade de aranhas. A falta de informações sobre a diversidade de aranhas em sistemas de uso do solo nos estados do Sul do Brasil, especialmente Santa Catarina, dificulta comparações e discussões mais detalhadas.

Além das condições intrínsecas do ambiente antropizado, ou seja, entrada de compostos químicos e redução da flutuação populacional de outros organismos a composição de plantas, sua arquitetura e o microclima formado nas diferentes formas de uso do solo podem afetar a distribuição das aranhas (PERES et al., 2010; YOLANDA BIZUET-FLORES et al., 2015; RIVERA-QUIROZ; GARCILAZO-CRUZ; ÁLVAREZ-PADILLA, 2016). Esses aspectos tendem a ser mais simplificados nas áreas de cultivo em relação à vegetação nativa.

As famílias de aranhas que ocorrem unicamente no solo como Theridiidae e Nemesiidae são fortemente afetadas pelo trânsito de animais e/ou máquinas, o que pode ser uma explicação para redução destas famílias em áreas agrícolas ou com entrada de animais de produção. Com relação a correlação das famílias de aranhas com atributos como densidade do solo (Ds) e diâmetro médio ponderado (DMP) encontrada no verão (Figura 3.2B) quando comparadas com a literatura, DOWNIE et al. (2000) demonstram que a intensidade de pastejo do gado e algumas características físicas do solo reduzem dramaticamente as populações de aranhas. Já DENNIS et al., (2015) também relatam que a entrada de ovelhas e gado em áreas de pastagem causa compactação do solo e interfere negativamente na diversidade e abundância de aranhas. BARETTA et al., (2007a) também relatam que a entrada de animais de produção em áreas de

pastagem pode ser um agravante na redução da biodiversidade de araneofauna assim como o efeito da queima da vegetação.

As famílias Palpimanidae, Tetragnathidae, Cosmetidae, Araneidae, Hahniidae, Lycosidae, Gnaphosidae e Salticidae apresentaram correlação direta com os teores de Ca^{2+} , Mg^{2+} e K, que são atributos químicos comumente alterados pelas condições de manejo como a calagem para correção de acidez em áreas agrícolas, sugerindo desta forma a facilidade destas famílias em se adaptar a estas modificações de uso e manejo do solo.

A correlação dos teores de Al^{3+} com as famílias Nesticidae, Amaurobiidae, Zoridae, Dipluridae, Zodaridae, Ctneidae, Miturgidae, Pholcidae, Corinnidae, Nemesiidae, Theridiidae e Linyphidae indica adaptação a áreas naturais e solos ácidos, não calcariados, o que difere de muitos organismos edáficos, que respondem ao uso do calcário (BARETTA et al., 2011).

Durante o verão além dos atributos físicos e químicos também houve correlação positiva entre pelo menos um atributo microbiológico (Figura 3.2B), indicando interdependência entre carbono da biomassa microbiana e as famílias de aranhas. Neste sentido, destaca-se que quanto maior a diversidade biológica do solo, maior a ocorrência de predadores secundários, com estabilização da cadeia alimentar e dos processos de manutenção dos ecossistemas terrestres.

Os teores de matéria orgânica (MO) são diretamente relacionados com a taxa de decomposição da serapilheira e estas condições estão associadas a algumas famílias de aranhas, neste sentido os teores de MO atraem decompositores primários e fauna detrital, com isso, favorecem o aparecimento de predadores, como as aranhas. Esse mecanismo também foi descrito por LIU et al., (2015) que encontraram relações positivas entre as taxas de decomposição da serapilheira e abundância de aranhas em áreas de floresta nativa, reforçando os resultados encontrados no presente estudo.

Atributos físicos do solo como Ds e DMP apresentaram correlação positiva com algumas famílias de aranhas, o que pode ser relacionado ao efeito do manejo sobre a estrutura do solo. A relação entre atributos físicos e químicos e a diversidade de famílias de aranhas é proporcional ao nível de intensificação de uso, de modo que, quão mais manejado e alterado o ambiente se apresenta, maior serão os reflexos na diminuição da diversidade de aranhas e posteriormente em possíveis perdas em processos físicos e químicos do solo. ARAÚJO et al. (2015) ao estudarem a relação entre a degradação do solo e grupos chave de organismos do solo verificaram que Araneae são fortemente afetados pela intensidade de degradação das paisagens. Assim o manejo mais adequado do solo em áreas de produção agrícola pode favorecer processos essenciais como controle biológico de pragas e manutenção dos fluxos de energia no solo (HAASE; BALKENHOL, 2015; KIRSTINE et al., 2015).

3.5 CONCLUSÕES

1. As famílias de aranhas são afetadas pelo tipo de uso e manejo do solo e pela sazonalidade em sistemas da região do Planalto Sul Catarinense;
2. As famílias Theridiidae e Nemesiidae são dependentes de locais com baixa intervenção antrópica, sendo mais abundantes na FN.
3. O manejo do solo e a simplificação da vegetação são os fatores que mais afetam as famílias de aranhas;
4. A maior parte das famílias de aranhas possui dependência direta dos atributos físicos e químicos do solo especialmente pH, densidade do solo, diâmetro médio ponderado, matéria orgânica, nitrogênio, alumínio trocável, cálcio, magnésio, potássio e microporosidade.

REFERÊNCIAS

- ANDERSON, J. M. **Tropical soil biology and fertility: a handbook of methods**. Second ed. Wallingford: CAB International; 1993.
- BALKENHOL, B.; HOHBERG, K.; PFANZ, H. Spiders in mofette fields — Survival of the toughest in natural carbon dioxide springs ? **Ecological Indicators**, v. 69, p. 749–757, 2016.
- BARETTA, D. Fauna do solo e outros atributos edáficos como indicadores da qualidade ambiental em áreas com *Araucária angustifolia* no Estado de São Paulo. **Tese**, 2007.
- BARETTA, D. et al. Efeito do cultivo do solo sobre a diversidade da fauna edáfica no planalto sul catarinense. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 5, n. 2, p. 108–117, 2007.
- BARETTA, D. et al. Edaphic spiders in forest trap and soil monolith sampled edaphic spiders (arachnida:araneae) in Araucaria angustifolia forest. **Scientia Agricola**. v.64, n.4, p.375-383, 2007a.
- BARETTA, D.; et al. Fauna edáfica e qualidade do solo. In: KLAUBERGFILHO, O.; MAFRA, A. L.; GATIBONI, L. C. **Tópicos em Ciências do solo**. Viçosa: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, v. 7, p. 141-192, 2011.
- BARSOUM, N. et al. Forest Ecology and Management Ground-dwelling spider (Araneae) and carabid beetle (Coleoptera : Carabidae) community assemblages in mixed and monoculture stands of oak (*Quercus robur* L. / *Quercus petraea* (Matt .) Liebl .) and Scots pine (*Pinus sylv.* **Forest Ecology and Management**, v. 321, p. 29–41, 2014.
- BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014.
- BORCHARD, F. et al. Carabid beetles and spiders as bioindicators for the evaluation of montane heathland restoration on former spruce forests. **Biological Conservation**, v. 178, p. 185–192, 2014.

CAMARA, R. et al. Effects of Eucalyptus Plantations on Soil Arthropod Communities in a Brazilian Atlantic Forest Conservation Unit Artrópodos Do Solo Em Uma Unidade De Conservação Da Mata Atlântica. p. 445–455, 2012.

CHEN, S.; FATH, B. D.; CHEN, B. Information-based Network Environ Analysis: A system perspective for ecological risk assessment. **Ecological Indicators**, v. 11, n. 6, p. 1664–1672, 2011.

DA ROSA, M. G. et al. Macrofauna edáfica e atributos físicos e químicos em sistemas de uso do solo no planalto catarinense. **Revista Brasileira de Ciencia do Solo**, v. 39, n. 6, p. 1544–1553, 2015.

DENNIS, P. et al. The response of spider (Araneae) assemblages to structural heterogeneity and prey abundance in sub-montane vegetation modified by conservation grazing. **Global Ecology and Conservation**, v. 3, p. 715–728, 2015.

ERALY, D. et al. Direct and indirect effects of metal stress on physiology and life history variation in field populations of a lycosid spider. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 74, n. 6, p. 1489–1497, 2011.

HAASE, H.; BALKENHOL, B. Spiders (Araneae) as subtle indicators for successional stages in peat bogs. **Wetlands Ecology and Management**, p. 453–466, 2015.

KIRSTINE, A. et al. Disturbance in dry coastal dunes in Denmark promotes diversity of plants and arthropods. **Biological Conservation**, v. 182, p. 243–253, 2015.

KOVÁCS-HOSTYÁNSZKIA, A. et al. Earthworms, spiders and bees as indicators of habitat quality and management in a low-input farming region - A whole farm approach. **Ecological Indicators**, v. 33, p. 111–120, 2013.

LIU, S. et al. Spider foraging strategy affects trophic cascades under natural and drought conditions. **Scientific reports**, v. 5, p. 12396, 2015.

LOPES, J. et al. Araneofauna capturada na mata e área aberta adjacente , no norte do Paraná , Brasil Araneofauna captured in the forest and adjacent area , in the north of Paraná , Brazil. n. May 2016, p. 41–46, 2009.

MADER, V. et al. Land use at different spatial scales alters the functional role of web-building spiders in arthropod food webs. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 219, p. 152–162, 2016.

MARÍN, L.; JACKSON, D.; PERFECTO, I. A positive association between ants and spiders and potential mechanisms driving the pattern. **Oikos**, v. 124, n. 8, p. 1078–1088, 2015.

MINEO, M. F.; DEL-CLARO, K.; BRESCOVIT, A. D. Seasonal variation of ground spiders in a Brazilian Savanna. **Zoologia (Curitiba, Impresso)**, v. 27, n. 3, p. 353–362, 2010.

MUMME, S. et al. Functional diversity and stability of litter-invertebrate communities following land-use change in Sumatra , Indonesia. **BIOC**, v. 191, p. 750–758, 2015.

PERES, M. C. L. et al. Distribution of leaf litter spider (Araneae) in treefall gaps and on adjacent forest in an atlantic rainforest remnant in Bahia State, Brazil. **Biociências**, v. 16, p. 109–115, 2010.

RIVERA-QUIROZ, F. A.; GARCILAZO-CRUZ, U.; ÁLVAREZ-PADILLA, F. Revista Mexicana de Biodiversidad Spider cyberdiversity (Araneae : Araneomorphae) in an ecotouristic tropical forest fragment in Xilitla , Mexico. **Enfermería Universitaria**, v. 87, n. 3, p. 1023–1032, 2016.

RODRIGUES, E. N. L.; MENDONÇA, M. S. Spider guilds in the tree-shrub strata of riparian forests in southern Brazil. **Journal of Arachnology**, v. 40, n. 1, p. 39–47, 2012.

SAS-KOVÁCS, É.-H.; SAS-KOVÁCS, I.; URÁK, I. *Alopecosa psammophila* Buchar, 2001 (Araneae: Lycosidae): morphometric data and first record for Romania. **Turkish Journal of Zoology**, v. 39, p. 353–358, 2015.

YOLANDA BIZUET-FLORES, M. et al. Diversity patterns of ground dwelling spiders (Arachnida: Araneae) in five prevailing plant communities of the Cuatro Ciénegas Basin, Coahuila, Mexico. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 86, n. 1, p. 153–163, 2015.

CAPÍTULO 4 – ARANHAS (Arachnida: Araneae) EM SISTEMAS DE USO DO SOLO NO LESTE CATARINENSE

RESUMO

O solo é o ambiente que abriga boa parte da biodiversidade de invertebrados terrestres, dentre eles, as aranhas. O objetivo do presente trabalho estudar o efeito do sistema de uso do solo (SUS) sobre a abundância e diversidade das famílias de aranhas edáficas, bem como a relação dessas com os atributos físicos e químicos do solo. Os SUS avaliados foram: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema plantio direto (PD). As amostras foram coletadas em uma grade de amostragem de 3×3 , totalizando nove pontos, distanciados 30m entre si durante o inverno e verão, em três municípios do Leste catarinense, considerados réplicas verdadeiras. Foram avaliados atributos físicos e químicos do solo e abundância e diversidade de famílias de aranhas, coletadas pelo método de *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Os resultados foram submetidos à análise de componentes principais (ACP) a fim de verificar a relação entre os SUS a abundância de famílias de aranhas. As armadilhas foram responsáveis pela captura de 110 indivíduos durante o inverno e 88 durante o verão. Para monólitos esses valores foram ligeiramente menores, sendo 67 indivíduos durante o inverno e 29 durante o verão. A ACP demonstrou que as famílias Nesticidae e Salticidae estiveram mais associadas a locais mais antropizados (PD, ILP), enquanto Hahniidae, Oonopidae, Theridiidae, Nemesiidae e Amaurobiidae estiveram associadas à FN especialmente com o método TSBF. Nas armadilhas as famílias mais associadas na FN foram Theridiidae, Amaurobiidae, Nemesiidae e Miturgidae ao passo que Linyphiidae, Araneidae, Lycosidae foram mais abundantes nos sistemas com maior nível de intervenção antrópica (PD e ILP). As modificações encontradas nas comunidade de aranhas foram explicadas pelo uso do solo e pelos teores de matéria orgânica. As famílias Theridiidae e Oonopidae apresentam potencial como indicadores de ambientes conservados, para ambos os métodos de amostragem.

Palavras chave: Araneofauna 1, manejo do solo 2, biodiversidade edáfica 3.

ABSTRACT

Soil is the environment that harbors much of the biodiversity of terrestrial invertebrates, including spiders. The objective of the present study was to assess the effect of the soil use system (SUS) on the abundance and diversity of soil spider families, as well as their relationship with soil physical and chemical attributes. The evaluated SUS were native forest (NF),

eucalyptus plantation (EP), perennial pasture (PA), crop-livestock integration (ICL) and no-tillage system (NT). The samples were collected in a 3×3 sampling grid, totaling nine points, 30 m apart, during winter and summer, in three county of eastern Santa Catarina, considered true replication. Physical and chemical attributes of the soil and abundance and diversity of spider families were evaluated through the manual sampling method (TSBF) and pitfall traps. The results were submitted to Principal Component Analysis (PCA) in order to verify the relationship between the SUS and the abundance of spider families. Traps were responsible for capturing 110 individuals during the winter and 88 during the summer. For monoliths, these values were slightly lower, being 67 individuals during the winter and 29 during the summer. ACP showed that Nesticidae and Salticidae families were more associated with more anthropic sites (PD, ILP), while Hahniidae, Oonopidae, Theridiidae, Nemesiidae and Amaurobiidae were associated with FN especially with the TSBF method. In the traps the most associated families in the FN were Theridiidae, Amaurobiidae, Nemesiidae and Miturgidae whereas Linyphiidae, Araneidae, Lycosidae were more abundant in systems with higher level of anthropic intervention (PD and ILP). The modifications found in the spider community were explained by the use of the soil and the organic matter contents. The families Theridiidae and Oonopidae present potential as indicators of conserved environments for both sampling methods.

Keywords: Soil spiders 1, Soil management 2, Edaphic biodiversity 3.

4.1 INTRODUÇÃO

O solo é o ambiente que abriga boa parte da biodiversidade de invertebrados terrestres, dentre eles, as aranhas. São predadoras e portanto auxiliam no controle biológico das populações de organismos edáficos, prestando desta forma um serviço ecossistêmico de regulação. Contudo, alguns estudos demonstram que estes organismos são dependentes da estrutura da vegetação local para se estabelecer e prover tal serviço (BATÁRY et al., 2008; MADER et al., 2016; MARÍN et al., 2016; PICCHI et al., 2016a).

A atividade agrícola pode modificar as propriedades físicas, químicas e biológicas do solo em diferentes escalas, especialmente pela aplicação de fertilizantes, pesticidas, tráfego de implementos agrícolas, além de alterar a estrutura vegetacional (BALDISSERA et al., 2008; SYLVAIN; WALL, 2011; KUMAR et al., 2013; ZHU; ZHU, 2015). Contudo, algumas famílias de aranhas podem resistir aos impactos e portanto manter, a diversidade funcional nestes cenários agrícolas.

A diversidade de aranhas ainda é pouco estudada quando comparada a outros grupos edáficos como Formicidae (formigas), Oligochaeta (minhocas) e Collembola (Colêmbolos), especialmente na região Leste do Estado de Santa Catarina onde os estudos envolvendo grupos edáficos em áreas agrícolas ainda são praticamente inexistentes. Contudo, ressalta-se que devido à alta mobilidade das aranhas e por responderem rapidamente às modificações da estrutura trófica basal, são potenciais indicadoras de modificações na paisagem (BOTKIN, 2000; KOVÁCS-HOSTYÁNSZKIA et al., 2013; LAFAGE; PÉTILLON, 2014; HAASE; BALKENHOL, 2015; LINDENMAYER; MARGULES; PICCHI et al., 2016a).

Tendo isto posto, ressalta-se o papel do solo na sustentação destes invertebrados terrestres e da cadeia alimentar que nele se estabelece, portanto, alguns atributos físicos e químicos do solo são determinantes para o desenvolvimento vegetal, que por sua vez, estão diretamente associados à diversidade e à abundância de aranhas. Deste modo, os impactos causados pelo tipo de manejo do solo podem de algum modo alterar a estrutura da comunidade de aranhas e condicionaram determinadas famílias e/ou gêneros a locais bastante específicos, de acordo com a intensidade de uso. No presente estudo, demonstramos como locais de produção agrícola como plantio direto, integração lavoura-pecuária, locais de pastagem perene e florestas plantadas de eucalipto podem condicionar as famílias de aranhas quando comparado a floresta nativa na região Leste do Estado de Santa Catarina.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Local de estudo e delineamento amostral

O estudo foi realizado na região leste de Santa Catarina, abrangendo sistemas de uso do solo (SUS) com crescente intensidade de intervenção antrópica, a saber: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema plantio direto (PD). Os locais foram selecionados de acordo com características geográficas, relevo, altitude e solo representativos, em três municípios (M): Joinville, Timbó e Blumenau em um Argissolo Vermelho Amarelo (EMBRAPA, 1996).

A amostragem das aranhas foi realizada em grade amostral de 3 x 3, com espaçamento entre cada ponto de 30 m, respeitando 20 m de bordadura. totalizando 270 pontos amostrais para cada um dos métodos (inverno + verão) em área total de 1 ha para cada um dos SUS. Os locais de amostragem em cada município foram considerados como réplicas verdadeiras dos SUS. Outras informações sobre esquema amostral, histórico e manejo do solo podem ser obtidos em BARTZ et al. (2014), ROSA et al. (2015), SOUZA et al. (2016) e Anexo 1.

4.2.2 Método de amostragem das aranhas

A coleta das aranhas foi realizada pelos métodos de monólitos do solo (TSBF) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*), conforme metodologia descrita por BARETTA et al. (2007), no inverno de 2011, nos meses de junho, julho, e no verão, nos meses de dezembro de 2011 e janeiro de 2012. Nestas épocas de coleta as condições de temperatura e precipitação foram representativas do ambiente regional (SANTA CATARINA, 1986).

A área de amostragem do TSBF em cada ponto foi de 25 x 25 cm, escavando o solo a 20 cm de profundidade. O solo coletado foi acondicionado em sacos plásticos e levados ao laboratório onde ocorreu triagem manual, com o auxílio de iluminação artificial.

As armadilhas de solo foram instaladas a aproximadamente 30 cm dos pontos de coleta do método TSBF e deixadas a campo por três dias. Decorrido o tempo, foram recolhidas, levadas ao laboratório onde os organismos coletados foram separados com auxílio de peneiras de 0,125 mm. Todos os organismos encontrados foram fixados em álcool 80% e identificados em nível de família, gênero ou espécie quando possível, no Instituto Butantã. Todo o material está depositado na coleção de Aracnídeos do Laboratório de Artrópodes do Instituto Butantã (A.D. Brescovit, curador).

4.2.3 Atributos físicos e químicos do solo

Ao redor de cada um dos pontos de coleta dos TSBF em cada SUS e município foram coletadas 15 amostras de solo na camada de 0 a 20 cm, que foram homogeneizadas para formar uma amostra composta. As análises de carbono (C), nitrogênio (N), enxofre (S) e hidrogênio (H) foram realizadas pelo do método de combustão total no equipamento Elementar Vario EL Cube ® com sensibilidade de 99%.

Os atributos químicos do solo foram analisados conforme TEDESCO et al. (1995), com determinação de pH em água, acidez potencial (índice SMP), P, K, MO, Al^{3+} , Ca^{2+} , Mg^{2+} , H+Al e CTC a pH 7,0. Amostras com estrutura preservada de solo foram coletadas ao lado de cada local escavado para retirada da macrofauna. Uma porção de torrões foi utilizada para determinar a estabilidade de agregados, de acordo com o método de peneiramento úmido de KEMPER & CHEPIL (1965). Anéis volumétricos retirados nesses pontos foram utilizados para determinar a densidade do solo (Ds), o volume de bioporos (Bio), a microporosidade (Micro), a macroporosidade (Macro) e a porosidade total (PT), determinados como descritos em EMBRAPA (1997). A resistência à penetração (RP) foi medida com penetrômetro de bancada

Marconi®, modelo MA-933, na porção central das amostras de solo contidas nos anéis volumétricos, com umidade estável na tensão de 6 kPa.

4.2.4 Análise dos dados

A abundância total das famílias de aranhas foi utilizada para a obtenção do comprimento de gradiente (DCA), conforme proposto por tER BRAAK & SMILAUER (1998). Como o comprimento do gradiente foi ≤ 3 a comparação da abundância das famílias de aranhas (variáveis resposta) e os SUS se deram pela análise de componentes principais (ACP) para cada um dos métodos de amostragem. Os atributos físicos e químicos do solo foram considerados como variáveis ambientais explicativas, onde, os parâmetros colineares e os não significativos ($p \leq 0,05$) foram removidos do modelo estatístico utilizando o programa CANOCO (tER BRAAK & SMILAUER, 1998).

O índice de Shannon Wiener (H') foi calculado a fim de verificar como as pressões ambientais (intensificação de uso do solo) poderiam interferir na distribuição das famílias de aranhas, sendo calculados conforme proposto por Odum (1988) utilizando a biblioteca Vegan (OKSANEN et al., 2017). Os valores de H' foram comparados ponto a ponto ($n=27$) pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade através do programa estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011).

4.3 RESULTADOS

Ao todo foram identificados 294 indivíduos na região leste, sendo que a maior densidade foi verificada durante o inverno para ambos os métodos (monólitos e armadilhas). As armadilhas de solo (*Pitfall traps*) foram responsáveis pela captura de 110 indivíduos durante o inverno e 88 durante o verão. Para o método quantitativo de TSBFs esses valores foram ligeiramente menores, sendo 67 indivíduos durante o inverno e 29 durante o verão (Tabela 4.1).

O índice de diversidade de Shannon-Wiener utilizando o método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*) durante o verão para nosso conjunto de dados, não se verificaram diferenças significativas pelo teste de Tukey a 5% entre os SUS (Tabela 4.1). Por outro lado, com a utilização da análise estatística multivariada foi possível notar que houve separação entre as famílias de aranhas e os SUS avaliados (Figuras 4.1A, 4.1B, 4.2A e 4.2B).

Tabela 4.1. Família, Gênero ou espécies de aranhas (número de indivíduos coletados) e índice de Shannon-Wiener (H') em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) usando método TSBF e armadilhas de solo (*Pitfall traps*) na região Leste do Estado de Santa Catarina.

Família, Gênero, Espécie	TSBF										Armadilhas de solo (<i>Pitfall traps</i>)									
	Inverno					Verão					Inverno					Verão				
	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE
Amaurobiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ciniflrella</i> sp.1	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Araneidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
Corinnidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Castianeira</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ctenidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
<i>Isoctenus</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gnaphosidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2
Hahniidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>gen.?</i> sp.1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neohahnia</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Idiopidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Linyphiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	9	5	4	3	4	2	4	4	3

<i>Agyneta</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	1	1	0	4
<i>Agyneta</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Erigone</i> sp.1	0	5	4	4	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Erigone</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	3	5	0	0	5	2	2	1
<i>Laminacauda</i> sp.1	0	5	3	3	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Linyphiidae</i> sp.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Meioneta</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mermessus</i> sp.1	0	0	5	0	2	0	2	4	0	4	0	7	0	6	0	0	1	1	1	1
<i>Moyosi</i> sp.1	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Moyosi</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neomaso</i> sp.2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Laminacauda</i> sp.1	0	5	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Scolecuroa</i> sp.1	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sphecozone</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sphecozone novaetunoniae</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Lycosidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	1	1	0	0	2	1	4
<i>Lobizon humilis</i>	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Allocosa</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Hogna</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

<i>Hogna erythrognatha</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	5	1	1	0
Miturgidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nemesiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Stenoterommata</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Stenoterommata</i> sp.2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nesticidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nesticella</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nesticella</i> sp.2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Oonopidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Capitato</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Gen.1</i> sp.1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Triaeris stenaspis</i>	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Salticidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	2	0	0	1	0
<i>Corythalia</i> sp.2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mopiopia</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Freya</i> sp.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ilargus coccineus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Tetragnathidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

<i>Glenognatha australis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	4	5	0	0	1	1	0	0
Theraphosidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Theridiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	3	0	0	1	0	0
<i>Coleosoma floridanum</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cryptachaea sicki</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dipoena pumicata</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dipoena</i> sp.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Guaraniella</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Styopsis</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Theridion</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Theridiidae</i> sp.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Total de Individuos	9	17	22	13	6	5	3	12	1	8	28	32	20	23	7	22	17	14	15	19	
Índice de Shannon-Wiener (H')	2a	1,4a	2a	2a	1a	2a	0,6a	2a	0 ¹	1a	1,6a	1,5a	1,8a	1,7a	1,5a	2,2a	1,8a	2,0a	2,3a	2,2a	
Riqueza total	7	5	8	5	4	5	2	6	1	5	9	7	7	7	5	12	8	9	11	9	

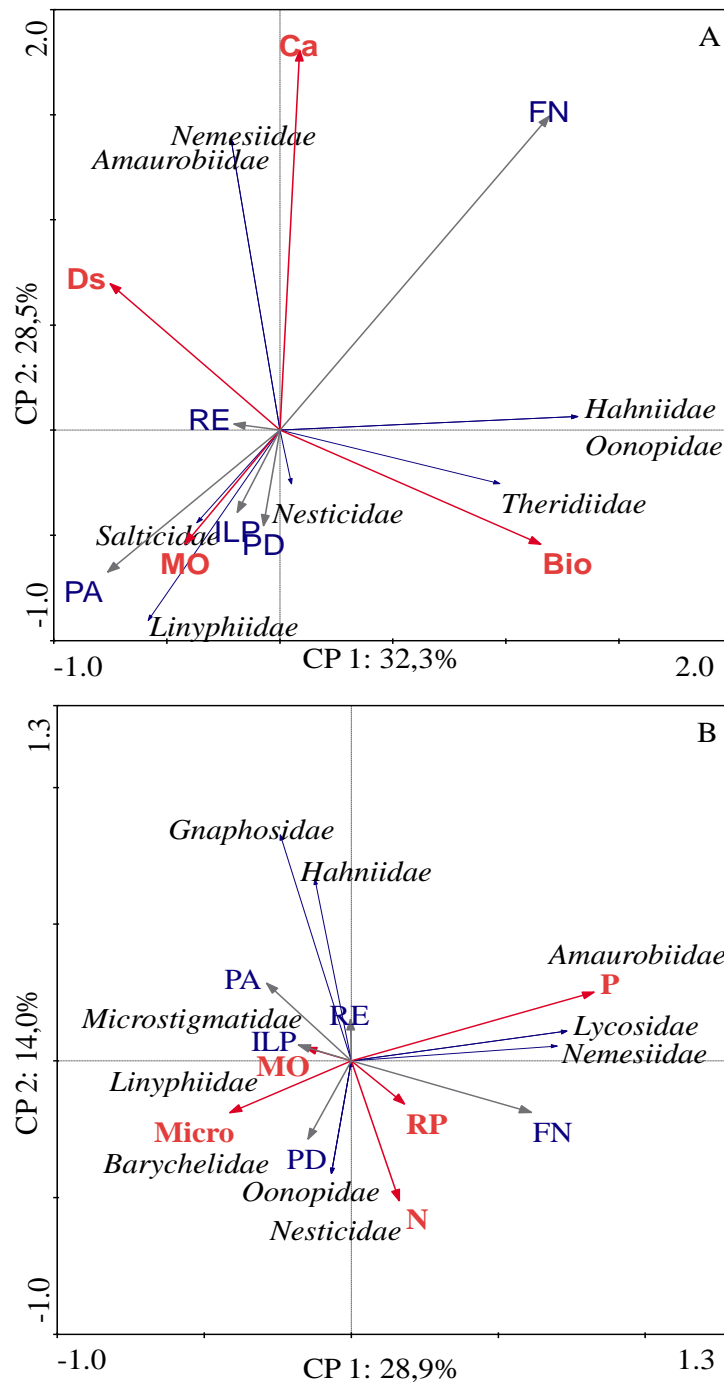
Os dados de abundância submetidos a Análise de Componentes Principais (ACP) revelaram a relação entre os sistemas de uso e algumas famílias de aranhas de acordo com a época de amostragem, demonstrando que nos mesmos pontos de amostragem em épocas contrastantes (inverno e verão) há dissimilaridade na estrutura das comunidades de aranhas (Figuras 4.1A, 4.1B, 4.2A, e 4.2B). Os métodos de amostragem também apresentaram capacidades distintas para o estudo da biodiversidade de famílias de aranhas em locais com diferentes níveis de intervenção antrópica.

No método monólitos (TSBF) a ACP explicou 60,8% da variação total sendo 32,3% na componente principal 1 (CP1) e 28,5% na componente principal 2 (CP2) no inverno (Figura 4.1A), enquanto no verão (Figura 4.1B) 42,9% da variação total dos dados foram explicados, sendo 28,9% na CP1 e 14,0% na CP2. Para as armadilhas de solo (*Pitfall traps*) no inverno (Figura 4.2A) a variação dos dados foi de 52,0% sendo explicados 34,6% pela CP1 e 17,4% pela CP2, enquanto no com o verão (Figura 4.2B), a variação total foi de 50,5%, onde a CP1 explicou 28,4% e a CP2 explicou 22,1% (Figura 4.2B).

A ACP possibilitou verificar a separação da abundância das famílias de aranhas entre os SUS avaliados (Figuras 4.1 e 4.2). Para TSBFs durante o inverno (Figura 4.1A) as famílias Hahniidae, Oonopidae, Theridiidae, Nemesiidae e Amaurobiidae estiveram associadas à FN, enquanto Nesticidae e Salticidae associadas a ILP, PD e PA. No verão Amaurobiidae, Lycosidae e Nemesiidae associadas a FN, Hahniidae, Gnaphosidae, Microstigmatidae estiveram associadas em RE, PA e ILP ao passo que Barychelidae, Oonopidae e Nesticidae no sistema de PD (Figura 4.1B).

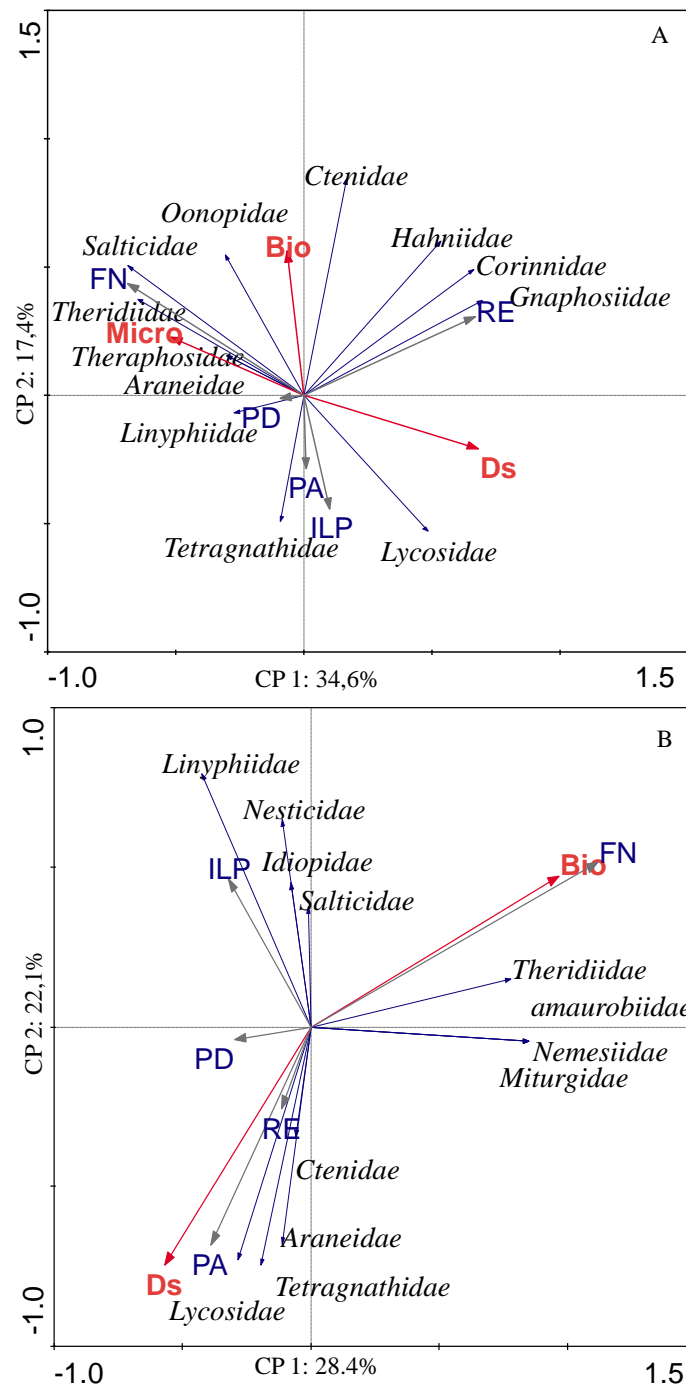
Contudo durante o inverno, no método *Pitfall traps* as famílias Oonopidae, Salticidae, Theridiidae, Theraphosidae e Araneidae estiveram associadas a FN, enquanto no RE as famílias Ctenidae, Hahnidae, Corinnidae, Gnaphosidae foram mais abundantes e os sistemas com algum nível de intervenção antrópica (PD, ILP e PA) favoreceram as famílias Linyphiidae, Tetragnathidae e Lycosidae foram predominantes (Figura 4.2A). Para armadilhas de solo durante o verão (Figura 4.2B) as famílias mais associadas na FN foram Theridiidae, Amaurobiidae, Nemesiidae e Miturgidae, em ILP Linyphiidae, Nesticidae, Idiopidae e Salticidae, enquanto nos demais sistemas de uso do solo (PD, RE e PA) Ctenidae, Araneidae, Tetragnathidae e Lycosidae foram mais abundantes (Figuras 4.2A e 4.2B).

Figura 4.1. Relação entre a componente principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da análise de componentes principais (ACP) no inverno (A) e verão (B) de 2011 para as famílias de aranhas (em itálico) encontradas e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho), na região Leste do Estado de Santa Catarina. (n = 135) através do método de TSBF. Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; pastagem perene: PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; cálcio: Ca; densidade do solo: Ds; matéria orgânica do solo: MO; microporosidade: Micro; nitrogênio total: N; Resistência a penetração: RP; Bioporos: Bio,



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

Figura 4.2. Relação entre a componente principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da análise de componentes principais (ACP) no inverno (a) e verão (b) de 2011 para as famílias de aranhas (em itálico) encontradas e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho) na região Leste do Estado de Santa Catarina. (n = 135) através do método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; pastagem perene: PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; densidade do solo: Ds; microporosidade: Micro; Bioporos: Bio;



4.4 DISCUSSÃO

Os atributos físicos e químicos do solo usados no presente estudo como variáveis ambientais explicativas da abundância de famílias de aranhas já foram reportados por muitos autores como condicionantes de diversos grupos da fauna do solo (ROSA et al., 2015; SOUZA et al., 2016) especialmente de grupos edáfico *stricto*. Esses atributos podem ser relacionados com variações na composição florística e por consequência na diversidade de serapilheira que abriga potenciais presas para as aranhas. LIU et al. (2015) ao estudarem a rede de decomposição de serapilheira em diferentes condições de microcosmos verificaram que existe uma dependência indireta entre a serapilheira e a fauna adjacente. Isso significa que a serapilheira mais diversificada atrai uma miríade de invertebrados terrestres, das quais as aranhas se alimentam, dentre outros, como os Colêmbolos que vivem nesta zona epiedáfica e são mais suscetíveis a predação pelas aranhas.

Neste sentido, organismos secundários que utilizam o solo para reprodução como dípteros (díptera) por exemplo, são fortemente influenciados pelas condições de manejo como temperatura e umidade (FROUZ, 1999; IGLESIAS BRIONES; MORÁN; POSADA, 2009) e modificações na estrutura vegetacional interferem nestes parâmetros, reduzindo a emergência das pupas de díptera, comumente associadas ao comportamento predatório das aranhas, como relatado por PICCHI et al., (2016) ao estudarem a biodiversidade de aranhas em plantações de oliveiras na Itália.

A maior abundância de famílias de aranhas em PD e ILP coletadas pelo método de TSBFs no verão (Figura 4.1B) pode estar relacionada, ao maior aporte de matéria orgânica (MO) nestes locais. Entretanto, os padrões de distribuição das famílias de aranhas são bastante variáveis pois dependem de uma teia ecológica bastante estruturada, que por sua vez somente é garantida pela diversidade florística (CASTRO; WISE, 2010; SEBEK et al., 2016). Por outro lado, podemos inferir que os locais avaliados no presente estudo eram manejados de forma racional, garantindo a sustentação de predadores.

SCHIRMEL et al. (2016) ao investigarem a conectividade entre diferentes paisagens sugerem que a diversidade de aranhas é maior em locais onde as espécies vegetais são mais diversificadas. Ao analisarmos o histórico de uso dos locais de PD e ILP do presente estudo, verificamos que os proprietários das áreas utilizavam rotação de culturas e um período de pousio em PD, nesta região do estado de Santa Catarina o que pode explicar em partes, a maior abundância de famílias de aranhas nestes sistemas. Por outro lado, enfatizamos o efeito da agricultura na simplificação dos habitats que, indiretamente, pode ser prejudicial para a

biodiversidade de predadores como aranhas, principalmente quando há intensificação do uso do solo.

As atividades agrícolas desenvolvidas nos sistemas PD e ILP, assim como a produção de madeira e celulose em RE, tendem a reduzir as relações ecológicas, como já demonstrado por FRANCO et al. (2016). Assim, o uso agrícola das áreas, além de diminuir a quantidade de serapilheira no solo (YOLANDA BIZUET-FLORES et al., 2015) constitui um dos principais fatores para a redução da diversidade de famílias de aranhas, o que contraria os resultados encontrados para os locais de cultivo neste estudo para região Leste de Santa Catarina.

Aliado a isso a aplicação de fertilizantes e pesticidas nas áreas agrícolas tende a limitar o número de invertebrados (presas) e por consequência indireta, limita o estabelecimento das populações de aranhas em áreas com alto nível de intervenção antrópica. Esse comportamento já foi reportado por MARLIAC et al. (2016) ao verificarem impactos negativos nas populações de aranhas em pomares de maçã com aplicação de pesticidas quando compararam pomares orgânicos na França.

Outro aspecto importante é que algumas famílias de aranhas são mais bem adaptadas as condições ambientais e ao maior grau de estresse ambiental (intensificação do uso do solo) tal como Lycosidae e Araneidae. Locais com menor nível de intervenção antrópica, por apresentarem maiores recursos, possibilitam maior sucesso adaptativo em comparação com outros. Nossos resultados se equiparam aos de ZHENG et al., (2015) ao estudarem a abundância e diversidade de aranhas em locais de floresta nativa e monoculturas, concluíram que as fitofisionomias simplificadas impactam negativamente nas comunidades de aranhas.

Em relação à correlação entre algumas famílias de aranhas (Theridiidae, Amaurobiidae, Nemesiidae e Miturgidae) e os SUS estudados na região Leste do Estado de Santa Catarina (Figura 4.2), verificamos que está relacionada às condições de solo, relevo e altitude, que delimitam filtros ecológicos e criaram ambientes específicos de microclima (BENNIE et al., 2008; GONG et al., 2016), com espécies vegetais bastante específicas e portanto, necessitam ser consideradas para outros estudos futuros.

As guildas ecológicas (não apresentados) também podem nortear pesquisas sobre o impacto das intensificação do uso do solo sobre as comunidades de aranhas. YOLANDA BIZUET-FLORES et al. (2015) relatam que a associação da família Theridiidae em locais com vegetação nativa (FN) está ligada principalmente pela preferência por ambientes com vegetação vertical complexa, o que corrobora com os resultados do presente estudo.

Adicionalmente, encontramos, forte associação entre a família Theridiidae e a FN (Figura 4.2). Essa associação pode estar relacionada basicamente pelo fato de que FN

apresentou alto volume de bioporos, conferindo abrigo para organismos da mesofauna como enquitreídeos, ácaros e colêmbolos que são potenciais presas para Theridiidae, cujo tamanho corporal diminuto, permite forragear esse compartimento do solo (porosidade). Isso foi muito bem explicado no trabalho de Kim et al. (2012) que atribuíram a alta incidência de Theridiidae em áreas naturais, devido ao tamanho corporal desta família de aranhas.

Outros fatores associados na modificação da estrutura da comunidade de aranhas além dos já mencionados aqui, incluem interações intra e interespecíficas, pela busca de recursos alimentares, mas segundo BRENNAN et al. (2006) são incapazes de causarem mudanças na distribuição ou abundância. Deste modo, acreditamos que a capacidade de dispersão de famílias de aranhas pode também estar ligada às condições ambientais em uma escala temporal e espacial, pois a estrutura da comunidade de famílias foi alterada entre o inverno (Figuras 4.1A e 4.2A) e verão (Figuras 4.1B e 4.2B). BARETTA et al. (2007a) também encontraram alterações entre o inverno e verão na diversidade de famílias de aranhas em floresta de araucária, com crescente nível de intervenção antrópica, em Campos do Jordão (SP).

Ressaltamos que no sistema ILP, onde há pastoreio, as comunidades de invertebrados herbívoros (presa para as aranhas) são afetadas negativamente como já reportado por VAN KLINK et al., (2015) e portanto, a intensidade (escala espacial) e o tempo de manejo do sistema pode configurar, ao longo do tempo (escala temporal) um fator para o declínio na abundância das populações de aranhas. Embora para nosso conjunto de dados, esse comportamento não foi propriamente observado, no verão, onde o sistema ILP apresentou declínio das famílias de aranhas (Figuras 4.1A e 4.1B)

A família Oonopidae chama atenção por apresentar abundância somente em FN (Figuras 4.1 e 4.2, Tabela 4.1). Nesse sentido, acreditamos que esta família possui algum nível de sensibilidade a locais antropizados. AZEVEDO-RAMOS et al. (2006) também encontraram predominância dessa família em ambientes florestais, à vista disso, recomendamos estudos envolvendo esta família como indicadora de ecossistemas estáveis, podendo auxiliar em programas de monitoramento de qualidade do solo.

Finalmente, evidenciamos os achados de BARTZ et al. (2014) que ao avaliarem a mesofauna em um gradiente de intensificação de uso do solo na região Oeste de Santa Catarina, encontraram alta abundância de colêmbolos e ácaros em áreas de FN, que são presas potenciais de aranhas edáficas. Portanto, a combinação de uma estrutura vegetal diversificada e um solo com condições físicas adequadas e alta população de organismos da mesofauna, criam o ambiente adequado para o estabelecimento das famílias de aranhas em FN.

4.5 CONCLUSÕES

1. Os sistemas de uso do solo interferiram na distribuição das famílias de aranhas, sugerindo que as particularidades de cada sistema, como estrutura vegetacional por exemplo podem selecionar famílias específicas de acordo com o gradiente de antropização.

As famílias Theridiidae e Oonopidae apresentam potencial indicador de ambientes conservados, com a da FN, independentemente da época e do método de amostragem.

2. Evidenciamos a família Linyphiidae como potencial indicadora de sistemas com alto grau de intervenção antrópica.

3. A utilização dos atributos físicos e químicos do solo como variáveis ambientais auxiliaram na explicação da distribuição das famílias de aranhas entre os sistemas de uso do solo na região Leste de Santa Catarina.

4. A utilização de dois métodos de amostragem possibilitou maior compreensão da biodiversidade de famílias de aranhas.

REFERÊNCIAS

ANDERSON JM, INGRAM JSI. **Tropical soil biology and fertility: a handbook of methods**. Second ed. Wallingford: CAB International; 1993

AZEVEDO-RAMOS, C.; DE CARVALHO, O.; DO AMARAL, B. D. Short-term effects of reduced-impact logging on eastern Amazon fauna. **Forest Ecology and Management**, v. 232, n. 1, p. 26–35, 2006.

BALDISSERA, R. et al. Landscape mosaic of *Araucaria* forest and forest monocultures influencing understorey spider assemblages in southern Brazil. **Austral Ecology**, v. 33, n. 1, p. 45–54, 2008.

BARETTA, D. et al. Efeito do cultivo do solo sobre a diversidade da fauna edáfica no planalto sul catarinense. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 5, n. 2, p. 108–117, 2007a.

BARETTA, D. et al. Trap and soil monolith sampled edaphic spiders (arachnida: araneae) in *Araucaria angustifolia* forest. **Scientia Agricola**, v. 64, n. 4, p. 375–383, 2007b.

BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014a.

BARTZ, M. L. C. et al. The influence of land use systems on soil and surface litter fauna in the western region of Santa Catarina. Rev. Ciência . **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 5spe, p. 880–887, 2014b.

BATÁRY, P. et al. Are spiders reacting to local or landscape scale effects in Hungarian pastures? **Biological Conservation**, v. 141, n. 8, p. 2062–2070, ago. 2008.

- BENNIE, J. et al. Slope, aspect and climate: Spatially explicit and implicit models of topographic microclimate in chalk grassland. **Ecological Modelling**, v. 216, n. 1, p. 47–59, 2008.
- BRENNAN, K. E. C. et al. Simplifying assessment of forest management practices for invertebrates: How effective are higher taxon and habitat surrogates for spiders following prescribed burning? **Forest Ecology & Management**, v. 231, n. 1, p. 138–154, 2006.
- CASTRO, A.; WISE, D. H. Influence of fallen coarse woody debris on the diversity and community structure of forest-floor spiders (Arachnida: Araneae). **Forest Ecology & Management**, v. 260, n. 12, p. 2088–2101, 2010.
- DA ROSA, M. G. et al. Macrofauna edáfica e atributos físicos e químicos em sistemas de uso do solo no planalto catarinense. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 39, n. 6, p. 1544–1553, 2015.
- FRANCO, A. L. C. et al. Loss of soil (macro)fauna due to the expansion of Brazilian sugarcane acreage. **Science of The Total Environment**, v. 563, p. 160–168, 2016.
- FROUZ, J. Use of soil dwelling Diptera (Insecta, Diptera) as bioindicators: a review of ecological requirements and response to disturbance. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 74, n. 1, p. 167–186, 1999.
- GONG, X. Y. et al. Topographic influences on shoot litter and root decomposition in semiarid hilly grasslands. **Geoderma**, v. 282, p. 112–119, 2016.
- HAASE, H.; BALKENHOL, B. Spiders (Araneae) as subtle indicators for successional stages in peat bogs. **Wetlands Ecology & Management**, p. 453–466, 2015.
- IGLESIAS BRIONES, M. J.; MORÁN, P.; POSADA, D. Are the sexual, somatic and genetic characters enough to solve nomenclatural problems in lumbricid taxonomy? **Soil Biology & Biochemistry**, v. 41, n. 11, p. 2257–2271, 2009.
- KIM, S.-T. et al. Spiders in Bangtaesan Mountain in Gangwon-do, Korea. **Journal of Korean Nature**, v. 5, n. 1, p. 1–9, mar. 2012.
- KOVÁCS-HOSTYÁNSZKIA, A. et al. Earthworms, spiders and bees as indicators of habitat quality and management in a low-input farming region - A whole farm approach. **Ecological Indicators**, v. 33, p. 111–120, 2013.
- KUMAR, M. et al. Effect of fire on soil nutrients and under storey vegetation in Chir pine forest in Garhwal Himalaya, India. **Acta Ecologica Sinica**, v. 33, n. 1, p. 59–63, 2013.
- LAFAGE, D.; PÉTILLON, J. Impact of cutting date on carabids and spiders in a wet meadow. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 185, p. 1–8, 2014.
- LINDENMAYER, D. B.; MARGULES, C. R.; BOTKIN, D. B. Indicators of biodiversity for ecologically sustainable forest management. **Conservation Biology**, v. 14, n. 4, p. 941–950, 2000.
- LIU, S. et al. Spider foraging strategy affects trophic cascades under natural and drought conditions. **Scientific Reports**, v. 5, p. 12396, 23 jul. 2015.

MADER, V. et al. Land use at different spatial scales alters the functional role of web-building spiders in arthropod food webs. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 219, p. 152–162, 2016.

MARÍN, L. et al. Response of ground spiders to local and landscape factors in a Mexican coffee landscape. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 222, p. 80–92, 2016.

MARLIAC, G. et al. Agriculture, Ecosystems and Environment Management diversity within organic production in influences epigeal spider communities in apple orchards. **“Agriculture, Ecosystems & Environment”**, v. 216, p. 73–81, 2016.

PICCHI, M. S. et al. Effects of local and landscape factors on spiders and olive fruit flies. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 222, p. 138–147, 2016.

SCHIRMEL, J. et al. Trait composition and functional diversity of spiders and carabids in linear landscape elements. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 235, p. 318–328, 2016.

SEBEK, P. et al. Open-grown trees as key habitats for arthropods in temperate woodlands: The diversity, composition, and conservation value of associated communities. **Forest Ecology & Management**, v. 380, p. 172–181, 2016.

SOUZA, S. T. DE et al. Abundance and Diversity of Soil Macrofauna in Native Forest, Eucalyptus Plantations, Perennial Pasture, Integrated Crop-Livestock, and No-Tillage Cropping. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 40, p. 1–14, 2016.

SYLVAIN, Z. A.; WALL, D. H. Linking soil biodiversity and vegetation: Implications for a changing planet. **American Journal of Botany**, v. 98, n. 3, p. 517–527, 2011.

VAN KLINK, R. et al. Effects of large herbivores on grassland arthropod diversity. **Biological Reviews**, v. 90, n. 2, p. 347–366, maio 2015.

YOLANDA BIZUET-FLORES, M. et al. Diversity patterns of ground dwelling spiders (Arachnida: Araneae) in five prevailing plant communities of the Cuatro Ciénegas Basin, Coahuila, Mexico. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 86, n. 1, p. 153–163, 2015.

ZHENG, G.; LI, S.; YANG, X. Spider diversity in canopies of Xishuangbanna rainforest (China) indicates an alarming juggernaut effect of rubber plantations. **Forest Ecology & Management**, v. 338, p. 200–207, 2015.

ZHU, X.; ZHU, B. Diversity and abundance of soil fauna as influenced by long-term fertilization in cropland of purple soil, China. **Soil and Tillage Research**, v. 146, n. PA, p. 39–46, 2015.

CAPÍTULO 5 – A DO USO DO SOLO PODE AFETAR A BIODIVERSIDADE DE ARANHAS NO SUL DE SANTA CATARINA?

RESUMO

A fragmentação dos habitats aliada às práticas intensivas de manejo em áreas agrícolas podem levar a mudanças na estrutura da comunidade de aranhas edáficas. O objetivo do presente trabalho estudar o efeito do sistema de uso do solo (SUS) sobre a abundância e diversidade das famílias de aranhas edáficas, bem como a relação dessas com os atributos físicos e químicos do solo. Os SUS avaliados foram: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema plantio direto (PD). As amostras foram coletadas em uma grade de amostragem de 3×3 , totalizando nove pontos, distanciados 30m entre si durante o inverno e verão, em três municípios do sul catarinense, considerados réplicas verdadeiras. Foram avaliados atributos físicos e químicos do solo e abundância e diversidade de famílias de aranhas, coletadas pelo método de *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Os resultados foram submetidos à análise de componentes principais (ACP) a fim de verificar a relação entre os SUS a abundância de famílias de aranhas. Foram capturados ao todo 410 indivíduos distribuídos em 29 famílias, 43 gêneros e 6 espécies e um gênero não identificado. As armadilhas capturaram o maior número de indivíduos no verão (199) do que no inverno (132), ao passo que nos TSBFs foram capturados 32 e 47 indivíduos no verão e inverno, respectivamente. A ACP separou os SUS e identificou relação de algumas famílias de aranhas com manejos específicos nos dois métodos de amostragem. As famílias Lycosidae, Linyphiidae, Oxyopidae e Tetragnathidae são famílias mais bem adaptadas a ambientes com maior nível de intervenção antrópica e portanto, são potenciais indicadoras de locais impactados. Já as famílias Theridiidae e Oonopidae apresentaram maior sensibilidade às modificações causadas pelo manejo. A coleta com TSBF foi mais sensível para famílias de aranhas edáficas, ao passo que com *Pitfall traps* foram mais sensíveis para aranhas epigeicas. A utilização conjunta dos dois métodos de amostragem é recomendada para avaliação da biodiversidade de famílias de aranhas, como forma de minimizar as limitações amostrais.

Palavras chave: Araneofauna 1, Manejo do solo 2, Biodiversidade edáfica 3.

ABSTRACT

Habitat fragmentation coupled with intensive management practices in agricultural areas may lead to changes in the structure of the soil spider community. The objective of the present study

was to assess the effect of the soil use system (SUS) on the abundance and diversity of soil spider families, as well as their relationship with soil physical and chemical properties. The evaluated SUS were native forest (NF), eucalyptus plantation (EP), perennial pasture (PA), crop-livestock integration (CLI) and no-tillage system (PD). The samples were collected in a 3 × 3 sampling grid, totaling nine points, 30 m apart, during winter and summer, in three municipalities of eastern Santa Catarina, considered true replication. Soil physical and chemical properties of the soil and abundance and diversity of spider families were evaluated through the manual sampling method (TSBF) and pitfall traps. The results were submitted to principal component analysis (PCA) in order to verify the relationship between the SUS and the abundance of spider families. 410 individuals were captured in 29 families, 43 genera and 6 species and one unidentified genus. The traps captured the largest number of individuals in the summer (199) than in the winter (132), whereas in the monoliths 32 and 47 individuals were captured in summer and winter, respectively. The PCA separated the SUS and identified the relationship of some families of spiders with specific management in the two sampling methods. The families Lycosidae, Linyphiidae, Oxyopidae and Tetragnathidae are families better adapted to environments with a higher level of anthropic intervention and therefore are potential indicators of impacted sites. The families Theridiidae and Oonopidae were more sensitive to the changes caused by the management. Collection with TSBF was more sensitive to families of soil spiders, whereas Pitfall traps were more sensitive to epigeal spiders. The joint use of both sampling methods is recommended for assessing the biodiversity of spider families as a way to minimize sample limitations.

Keywords: Soil spiders 1, Soil management 2, Edaphic biodiversity 3.

5.1 INTRODUÇÃO

As aranhas são, dentre os artrópodes o grupo com maior sucesso evolutivo e com distribuição cosmopolita habitam praticamente todos os ambientes. Por serem predadores ativos, comumente auxiliam de forma substancial o controle de pragas, reduzindo a densidades de outros organismos que possam ser prejudiciais para as culturas em agroecossistemas, como por exemplo, afídeos (CHOATE & LUNDGREN, 2015; MADER et al., 2016).

A intensificação da agricultura é caracterizada pelo aumento crescente no nível de mecanização e utilização de pesticidas, assim como a alteração constante da composição vegetal nas áreas agrícolas e entorno (CARPIO et al., 2016). De modo geral, a agricultura altera as paisagens, reduzindo a complexidade dos ecossistemas terrestres e promovendo a

simplificação da biodiversidade em escalas espaciais e temporais (WOODCOCK et al., 2013; DENNIS et al., 2015; LIU et al., 2015). Locais com alta complexidade biológica favorecem a manutenção dos fluxos de energia nos ecossistemas terrestres (AUCLERC et al., 2012; RODRIGUES & MENDONÇA, 2012; KORMANN et al., 2015).

O forrageamento das aranhas é baseado em outros artrópodes que habitam os mais diversos espaços, especialmente os locais que possuem maior diversidade florística, por proporcionarem melhores condições microclimáticas, espaços para reprodução, abrigo, bem como maior possibilidades de alimentação (BATTIROLA et al., 2010; MINEO et al., 2010; DENNIS et al., 2015).

Determinadas famílias de aranhas possuem representantes especializados, ou seja, a relação presa predador é bastante específica, de modo que a variação das populações podem variar de acordo com a sazonalidade (HADDAD et al., 2016). Principalmente por que os demais invertebrados (presas) apresentam efeito chamado diapausa, que é responsável por picos de reprodução, o que eleva suas populações e atraindo as famílias de aranhas, pelo aumento da oferta de alimento (MAQSOOD et al., 2016; PICCHI et al., 2016).

De outra forma, a fragmentação dos habitats aliada às práticas intensivas de manejo em áreas agrícolas podem levar a mudanças substanciais nos atributos físicos e químicos do solo, refletindo na produção primária e a biota local (LIU et al., 2015; COYLE et al., 2017; LECQ et al., 2017; LIU et al., 2017). Contudo, boa parcela da araneofauna da região Sul catarinense ainda permanece desconhecida, devido à falta de estudos em áreas agrícolas e em plantios florestais.

Neste trabalho avaliou-se como a biodiversidade de famílias de aranhas edáficas pode ser afetada pela intensificação do uso do solo em sistemas de manejo na região sul catarinense, utilizando dois métodos de amostragem.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na região Sul de Santa Catarina, abrangendo sistemas de uso do solo (SUS) com crescente intensidade de intervenção antrópica, a saber: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e sistema plantio direto (PD). Os locais foram selecionados de acordo com características geográficas, relevo, altitude e solo representativos, em três municípios (M): Siderópolis, Orleans e Lauro Muller, em um Argissolo Vermelho Amarelo (EMBRAPA, 1999), maiores informações sobre o histórico de uso das áreas podem ser encontrados no Anexo 1.

A amostragem das aranhas foi realizada em grade amostral (P) de 3 x 3, com espaçamento entre cada ponto de 30 m, respeitando 20 m de bordadura. O número de total de amostras coletadas (N) foi calculado através da fórmula $N = SUS \times M \times P$, onde N é o número total de amostras, SUS é cada sistema de uso do solo em cada município; M é o número de municípios estudados e P é número de pontos amostrais por SUS. O total de pontos amostrados foi 270 pontos para cada um dos métodos (inverno + verão) em área total de 1 ha para cada um dos SUS. Os locais de amostragem em cada município foram considerados como réplicas verdadeiras dos SUS. Outras informações sobre esquema amostral, histórico e manejo do solo podem ser obtidas em BARTZ et al. (2014), ROSA et al. (2015), SOUZA et al. (2016) e no Anexo 1.

A coleta das aranhas foi realizada pelos métodos de *Tropical Soil Biology and Fertility* em monólitos de solo (ANDERSON & INGRAM, 1993) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*), conforme metodologia descrita por BARETTA et al. (2007), no inverno de 2011, nos meses de junho, julho, e no verão, nos meses de dezembro de 2011 e janeiro de 2012. Nestas épocas de coleta as condições de temperatura e precipitação foram representativas do ambiente regional (SANTA CATARINA, 1986).

A área de amostragem do monólito em cada ponto foi de 25 x 25 cm, escavando o solo a 20 cm de profundidade. O solo coletado foi acondicionado em sacos plásticos e levados ao laboratório onde ocorreu triagem manual, com o auxílio de iluminação artificial.

As armadilhas de solo (*Pitfall traps*) com 8 cm de diâmetro foram instaladas com a borda superior ao nível da superfície, a aproximadamente 30cm dos pontos de coleta dos monólitos e deixadas a campo por três dias. Decorrido o tempo, foram recolhidas, levadas ao laboratório onde os organismos coletados foram separados com auxílio de peneiras de 0,125 mm. Todos os organismos encontrados foram fixados em álcool 80% e identificados em nível de família, gênero ou espécie quando possível, no Instituto Butantan. Todo o material foi depositado na coleção de aracnídeos do Laboratório de Artrópodes do Instituto Butantan (A.D. Brescovit, curador).

Ao redor de cada um dos pontos de coleta dos monólitos em cada SUS e município foram coletadas 15 amostras de solo na camada de 0 a 20 cm, que foram homogeneizadas para formar uma amostra composta. As análises de carbono (C), nitrogênio (N), enxofre (S) e hidrogênio (H) foram realizadas pelo método de combustão total no equipamento Elementar Vario EL Cube ® com sensibilidade de 99%.

Os atributos químicos do solo foram analisados conforme TEDESCO et al. (1995), com determinação de pH em água, acidez potencial (índice SMP), P, K, MO, Al^{3+} , Ca^{2+} , Mg^{2+} , H+Al

e CTC a pH 7,0. Amostras com estrutura preservada de solo foram coletadas ao lado de cada monólito. Uma porção de torrões foi utilizada para determinar a estabilidade de agregados, de acordo com o método de peneiramento úmido de KEMPER & CHEPIL (1965). Anéis volumétricos retirados nesses pontos foram utilizados para determinar a densidade do solo (Ds), o volume de bioporos (Bio), a microporosidade (Micro), a macroporosidade (Macro) e a porosidade total (PT), determinados como descrito em EMBRAPA (1997). A resistência à penetração (RP) foi medida com penetrômetro de bancada Marconi®, modelo MA-933, na porção central das amostras de solo contidas nos anéis volumétricos, com umidade estável na tensão de 6 kPa.

A abundância total das famílias de aranhas foi utilizada para a obtenção do comprimento de gradiente (DCA), conforme proposto por tER BRAAK & SMILAUER (1998). Como o comprimento do gradiente foi ≤ 3 a comparação da abundância das famílias de aranhas (variáveis resposta) e os SUS se deu pela análise de componentes principais (ACP) para cada um dos métodos de amostragem. Os atributos físicos e químicos do solo foram considerados variáveis ambientais explicativas, onde, os parâmetros colineares e os não significativos ($p \leq 0,05$) foram removidos do modelo estatístico utilizando o programa CANOCO (tER BRAAK & SMILAUER, 1998).

O índice de Shannon Wiener (H') foi calculado a fim de verificar como as pressões ambientais (intensificação de uso do solo) poderiam interferir na distribuição das famílias de aranhas, sendo calculados conforme proposto por ODUM (1988). Os valores de H' foram comparados ponto a ponto ($[N/ 5 = 27]$) pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade pelo programa estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011).

5.3 RESULTADOS

Foram identificados ao todo 410 indivíduos, sendo 79 pelo método TSBF e 331 pelo método das armadilhas de solo (*Pitfall traps*) na soma das épocas de amostragem. Considerando a sazonalidade nos métodos, para TSBF o número de aranhas capturadas foi menor (47 no inverno e 32 no verão), em comparação com as armadilhas (132 no inverno e 196 no verão) (Tabela 5.1).

Tabela 5.1. Família, gênero ou espécie de aranhas (número de indivíduos coletados) e índice de Shannon-Wiener (H') em floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD) no inverno e verão usando método TSBF e armadilhas de solo (*Pitfall traps*) na região Sul do Estado de Santa Catarina.

Famílias/Gênero/Espécie	TSBF										Armadilhas de solo (<i>Pitfall traps</i>)													
	Inverno					Verão					Inverno					Verão								
	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE	FN	ILP	PA	PD	RE				
Amaurobiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
N.I. Sp.1	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gen.? Sp1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	9
<i>Ciniflrella</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Amphinectidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anapidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Anapis</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Araneidae	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Alpaida</i> sp.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Anyphaenidae	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Aysha</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Barychelidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Barychelidae</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Caponiidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Corinnidae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cosmetidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ctenidae	0	0	0	0	0	9	0	2	1	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

<i>Isoctenus</i> sp.1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gnaphosidae	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Apopyllus</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Eilica</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Zimiromus</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Hahniidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Linyphidae	1	2	13	5	6	9	2	0	6	8	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Agyneta</i> sp.1	1	3	2	0	2	0	1	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Agyneta</i> sp.2	0	3	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Erigone</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	3	3	13	0	0	2	2	2	0	0	1	2	1	0
<i>Erigone</i> sp.2	0	14	2	11	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mermessus</i> sp.1	0	6	0	3	0	0	3	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Meioneta</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>Moyosi</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Laminacauda</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Linyphiidae</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Linyphiidae</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neomaso</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ostearius</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sphecozone novaeteutoniae</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Lycosidae	3	4	1	4	4	3	12	7	7	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Allocosa</i> sp.1	0	2	0	4	0	0	7	0	9	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Allocosa</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Hogna</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lobizon humilis</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0

<i>Schizocosa</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	0	1
<i>Trochosa</i> sp.1	0	0	1	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Trochosa</i> sp.2	0	1	0	0	0	0	4	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Microstigmatidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Xenonemesia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Miturgidae	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Odo</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mysmenidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Microdipoena</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Nemesiidae	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Xenonemesia</i> sp.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Stenoterommata palmar</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
Nesticidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nesticela</i> sp.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nesticela</i> sp.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ochyrocerathidae	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ochyrocera</i> sp.1	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Oonopidae	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Neoxyphinus</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Oxyopidae	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pholcidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Prodidomidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gen.1</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Salticidae	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mopiopia</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Scytodidae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tetragnathidae	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Glenognatha australis</i>	0	5	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Theraphosidae	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Theridiidae	3	1	2	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Coleosoma floridanum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cryptachaea</i> sp.1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Dipoena pumicata</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>Euryopsis</i> sp.1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Guaraniella</i> sp.1	0	0	0	0	5	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>Styopsis sellis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thymoites</i> sp.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Zodariidae	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Total de Individuos	13	43	24	32	20	46	38	27	50	38	12	18	9	3	5	10	4	4	3	11
Índice de Shannon-Wiener	1,6	1,2	0,7	0,6	0,0	1,2	0,7	0,7	1,1	0,6	1,7	1,0	1,0	1,1	1,5	2,2	0,7	1,3	1,2	2,0
Riqueza Total	7a	12a	8a	9a	7a	19a	10a	13a	14a	17a	8a	7a	5a	2a	2a	6a	3a	2a	3a	3a

A diversidade de Shannon (H') e a riqueza de famílias não seguiram um padrão linear conforme o gradiente de intensificação de uso do solo. Os sistemas de FN apresentaram indiscutivelmente o maior número de famílias, independente dos métodos e épocas de amostragens, sendo que para o inverno encontramos 6 táxons para armadilhas e TSBF. Durante o verão o número de táxons para o método foi relativamente maior, 13 famílias ao passo que para TSBF na mesma época encontrou-se apenas 4 famílias (Tabela 5.1).

Para o método TSBF a Análise de Componentes Principais (ACP) explicou 64% da variação dos dados no inverno, sendo a componente principal 1 (CP1) por 44,6% e a componente principal 2 (CP2) responsável por 19,4% (Figuras 5.1A e 5.1B). Durante o verão a variabilidade total dos dados foi de 68,3%, destes, 57,6% foi explicado pela CP1 e 10,7% pela CP2. Para as armadilhas de solo (*Pitfall traps*) a CP1 explicou 23,4% e a CP2 14,7% totalizando, 38,1% da variabilidade total no inverno, ao passo que no verão a CP1 foi de 31,5% e a CP2 24,2%, perfazendo 55,7% da variabilidade nesta época de amostragem (Figuras 5.2A e 5.2B).

As coletas de inverno com o método TSBF revelaram relação direta entre as famílias Microstigmatidae, Oonopidae, Theridiidae, Prodidomidae, Barychelidae fortemente associadas a floresta nativa (FN). Já as famílias Amaurobiidae, Nesticidae relacionaram-se com reflorestamento de eucalipto (RE) enquanto Gnaphosidae com plantio direto (PD). As famílias Lycosidae, Linyphiidae ficaram mais associadas os sistemas integração lavoura-pecuária (ILP) e pastagem perene (PA) (Figura 5.1A). Pelo método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*) (Figura 5.2A) na mesma época FN condicionou a presença de Araneidae, Oonopidae, Theridiidae; em RE relacionaram-se as famílias Ctenidae e Gnaphosidae; em PD e ILP Lycosidae, Tetragnathidae e Linyphiidae e em PA as famílias Miturgidae, Nesticidae e Theraphosidae estiveram mais associadas.

Nas amostragens de verão com o método TSBF houve a relação de FN Microstigmatidae, Nemesiidae, Theridiidae e Linyphiidae; em RE observou-se associação de Amaurobiidae e Lycosidae. Por outro lado, nos sistemas ILP, PA e PD as famílias que estiveram fortemente associadas foram Corinnidae e Nesticidae (Figura 1B). Nas armadilhas de solo (*Pitfall traps*), durante o verão na FN as famílias que apresentaram forte associação foram Corinnidae, Theraphosidae, Amaurobiidae, Theridiidae, Ochyroceratidae, Anapidae, Nemesiidae e Miturgidae e no RE as famílias relacionadas foram Anyphaenidae, Zodaridae, Ctenidae, Salticidae e Gnaphosidae foram mais abundantes; enquanto nos SUS PA, PD e ILP as famílias mais abundantes foram Tetragnathidae, Linyphiidae, Mysmenidae, Lycosidae e Oxyopidae (Figura 5.2B).

Figura 5.1 – Relação entre a Componente Principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da Análise de Componentes Principais (ACP) no inverno (A) e verão (B) de para as famílias de aranhas (em itálico) e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho), na região Sul do Estado de Santa Catarina (n = 135) através do método Tropical Soil Biology and Fertility (TSBF). Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; Pastagem perene PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; cálcio: Ca; densidade do solo: Ds; matéria orgânica do solo: MO; macroporosidade: Macro; Bio: bioporos; Al: alumínio trocável.

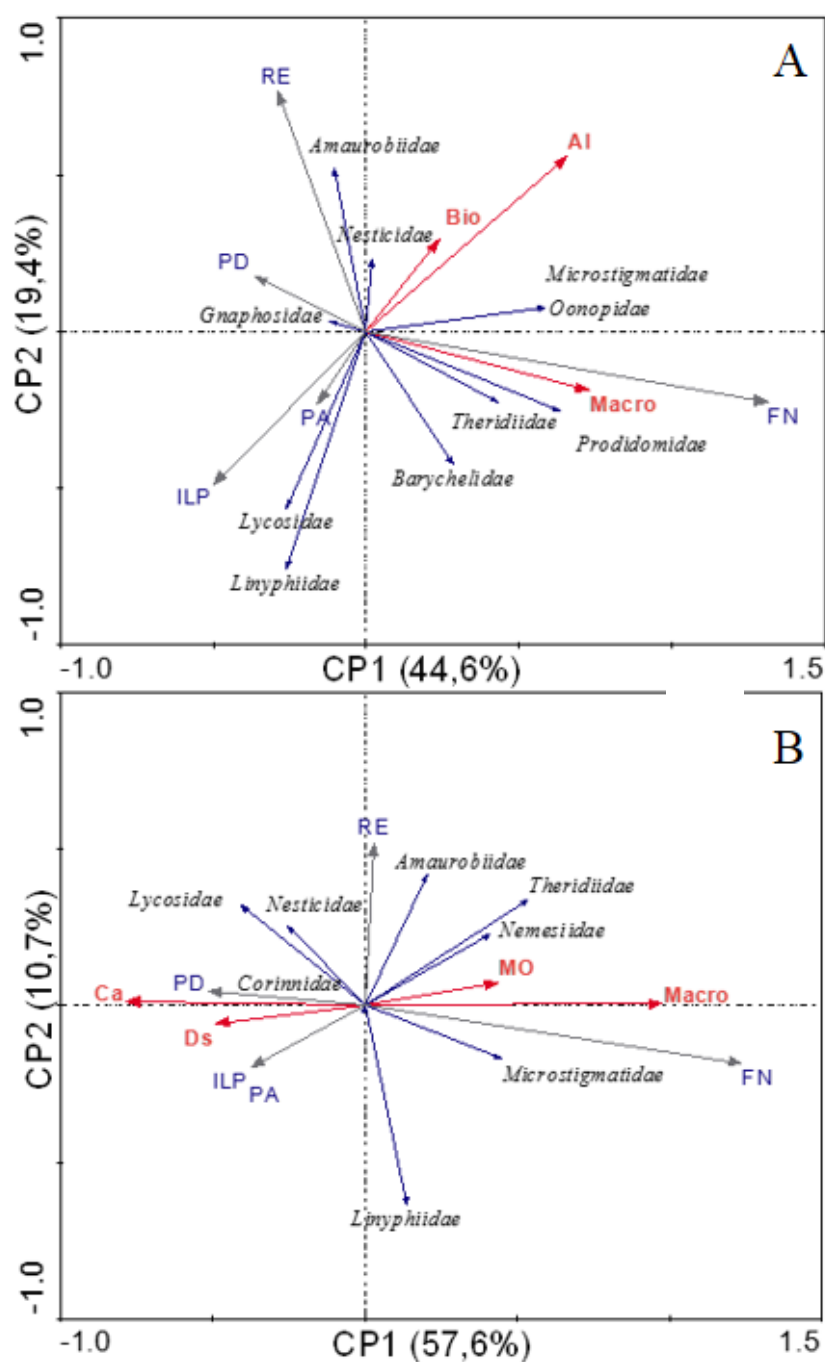
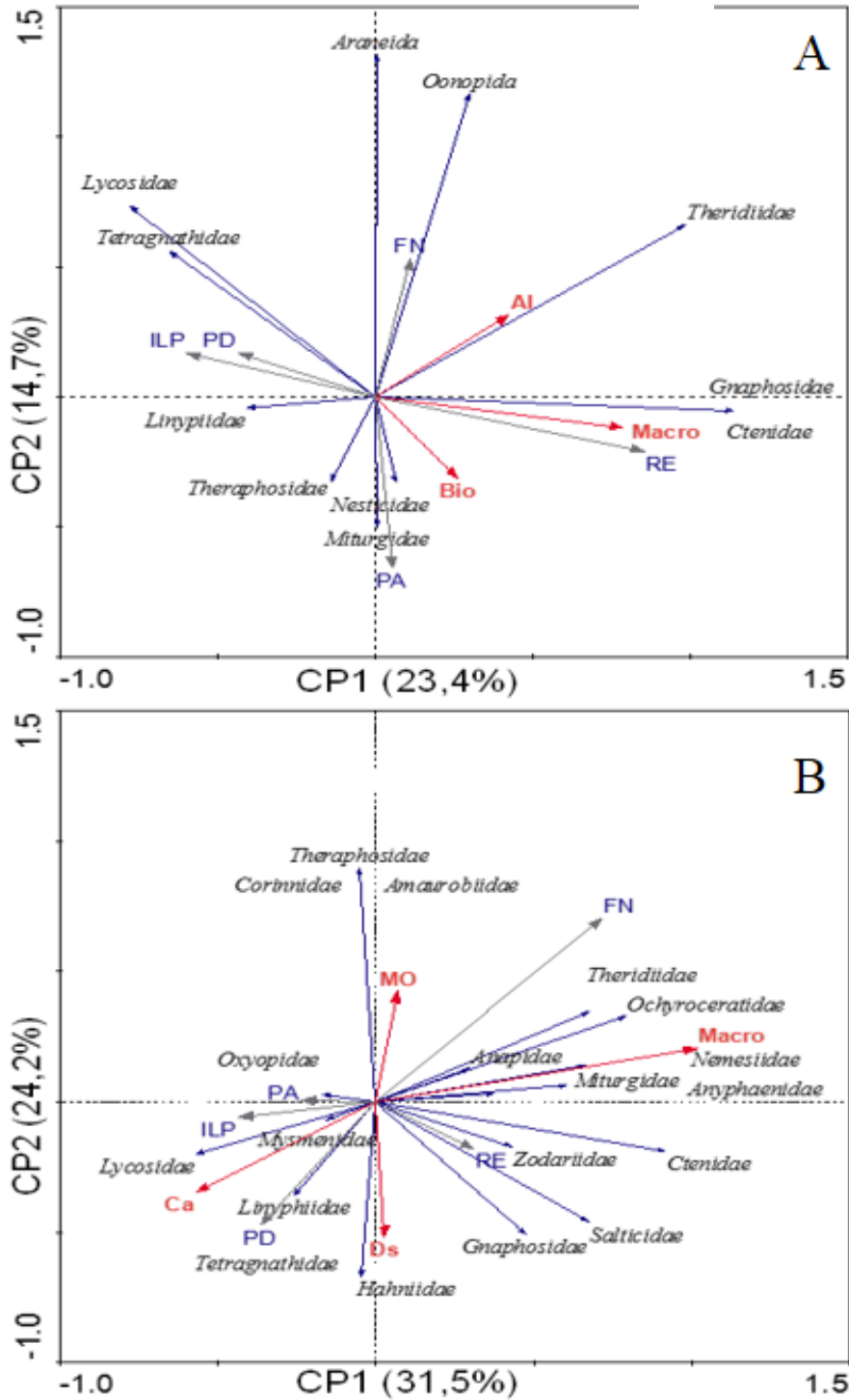


Figura 5.2 – Relação entre a Componente Principal 1 (CP 1) e 2 (CP 2) da Análise de Componentes Principais (ACP) no inverno (A) e verão (B) de para as famílias de aranhas (em itálico) encontradas e as variáveis ambientais utilizadas como explicativas (em vermelho), na região Sul do Estado de Santa Catarina (n = 135) através do método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Abreviações: floresta nativa: FN; reflorestamento de eucalipto: RE; Pastagem perene: PA; integração lavoura-pecuária: ILP; plantio direto: PD; cálcio: Ca; densidade do solo: Ds; matéria orgânica do solo: MO; macroporosidade: Macro.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

5.4 DISCUSSÃO

A abundância encontrada de aranhas (Tabela 5.1) evidencia que são organismos bem adaptados a uma infinidade de ambientes e, apesar de serem ocasionalmente distribuídas nas paisagens, foi encontrado baixo número de indivíduos quando comparado a demais estudos envolvendo aranhas. Por exemplo CARPIO et al., (2016) encontraram em 12 áreas de produção de uva na Itália, 1204 indivíduos utilizando o método de armadilhas de solo. (*Pitfall traps*) BARETTA et al., (2007) estudaram espécies de aranhas em áreas de araucária impactadas pelo fogo e encontraram abundâncias totais de 148 indivíduos pelo método de armadilhas de solo (*Pitfall traps*). Estudos envolvendo aranhas ainda são prioritários no sentido de conservar a araneofauna, especialmente na região Sul do Estado de Santa Catarina, que não conta ainda com levantamento abrangente desses organismos edáficos.

A diversidade maior nas áreas de floresta nativa (FN) está associada à estruturação do solo, especialmente macroporosidade (Macro) e complexidade florística, essas características conferem maior estabilidade, tornando um ambiente diverso em vários sentidos, quer seja do ponto de vista vegetal, como para a fauna do solo, o que ocasiona maiores possibilidades de exploração dos nichos tróficos pelas comunidades de aranhas.

Os maiores teores de matéria orgânica do solo (MO) podem ser associados com complexidade vegetal intrínseca da FN, o que seria relacionado com a maior abundância de relações ecológicas, especialmente relacionadas aos fluxos de energia dentro dos ecossistemas (ODUM, 1988), além do papel da fauna edáfica no ciclo do carbono e nas interações entre os diversos grupos edáficos em distintas escalas, o que em conjunto influenciaria a dinâmica do carbono no solo (MORRIËN et al., 2017).

Além da MO exercer papel essencial em diversos processos que ocorrem no solo, este componente também contribui para atributos físicos do solo (SLESÁK et al., 2017), o que influencia aspectos importantes para as comunidades de aranhas edáficas, como a macroporosidade (Macro), que regula propriedades hidráulicas do solo (GAO et al., 2017; YANG et al., 2017).

A dependência das famílias de aranhas edáficas está relacionada à exploração dos nichos tróficos existentes nos ecossistemas, deste modo, supõe-se que em locais onde há maior MO pode-se esperar maior diversidade de organismos edáficos, especialmente os detritívoros, que são potenciais presas das aranhas que ali vivem. Alguns autores já demonstraram a dependência das famílias de aranhas com organismos de níveis tróficos inferiores, como os consumidores

primários, principalmente aqueles ligados à fragmentação da serapilheira (OELBERMANN & SCHEU, 2002; BRASCHLER & BAUR, 2016; GONZÁLEZ-CHANG et al., 2016)

As áreas de FN apresentaram altos teores de matéria orgânica (MO) e macroporosidade (Macro) (Figuras 5.1A, 5.1B, 5.2A e 5.2B), sugerindo que esses dois atributos sejam os principais fatores que favorecem a ocorrência de aranhas das famílias Theridiidae, Prodidomidae, Barychelidae, Oonopidae, Microstigmatidae, Nemesiidae, Linyphiidae, Araneidae, Anapidae, Ochyroceratidae e Miturgidae, independentemente da época e método de amostragem, representando uma fatia considerável ($\pm 40\%$) das famílias encontradas (Tabela 5.1).

Oonopidae é uma família de aranhas que é dependente da serapilheira no solo assim como o microclima associado à área onde explora os recursos para seu desenvolvimento (CHURCHIL, 1997). A associação desta família em áreas de floresta já foi reportada brevemente nos estudos realizados por BATTIROLA et al. (2010) e DIAS et al., (2005) ao estudarem aranhas como indicadores biológicos em agroecossistemas no Brasil.

A família Theridiidae também foi considerada uma indicadora eficaz de áreas preservadas, conforme estudado por MALUMBRES-OLARTE et al. (2013). No entanto estes autores, chamam a atenção que essa família pode não ser considerada uma indicadora global, embora nossos dados apresentem uma forte relação com FN. Assim, acredita-se que para ecossistemas subtropicais essa tendência se repita, especialmente pelo fato desta família ser dependente da complexidade florística (DIAS et al., 2009; GERLACH et al., 2013).

Barychelidae e Prodidomidae estiveram associadas à FN, e são famílias cujo conhecimento de seus hábitos ou mesmo de seu mecanismo de sobrevivência nos ambientes naturais são praticamente inexistentes. BARETTA et al. (2007) reportaram a existência da família Prodidomidae em áreas de araucária, entretanto, coletadas através de armadilhas, contrapondo nossos achados (Figura 5.1A). No entanto, os mesmos autores pontuam que a eficiência do método de coleta pode ser sensível para algumas famílias, mas essa sensibilidade pode ser inferior para outras.

A presença de algumas famílias em épocas distintas foi evidenciada em nosso estudo e reforçada pelos achados de INDICATTI et al, (2005) e PREZZI INDICATTI et al, (2008) que reportaram alta presença de Microstigmatidae e Nemesiidae durante o verão, período este, utilizado pelos representantes desta família para reprodução. Assim, além da associação específica entre o SUS, ocorre a dependência direta do clima nos estágios de reprodução destas famílias, tornando-as mais ativas no verão.

Outro ponto a ressaltar sobre as famílias Microstigmatidae e Nemesiidae é que estas não foram capturadas pelo método de armadilhas, ocorrendo somente nas coletas realizadas com monólitos. Assim, a combinação dos dois métodos de amostragem é recomendada, para ampliar a captura de indivíduos para avaliação da biodiversidade de aranhas.

As famílias Lycosidae, Linyphiidae, Oxyopidae e Tetragnathidae foram encontradas em SUS com alto nível de intervenção antrópica (ILP, PD e PA) (Figuras 5.1A, 5.1B, 5.2A, e 5.2B). Ressalta-se que as duas últimas (Oxyopidae e Tetragnathidae), já foram denominadas como aranhas sinantrópicas por BRAZIL & ALMEIDA-SILVA, (2005), por serem encontradas em áreas urbanas em Salvador, no estado da Bahia.

O sinantropismo é denominado como alta capacidade de um organismo se adaptar às condições de antropização, de modo que algumas destas três famílias podem num futuro não muito distante serem indicadoras de ambientes com alto nível de antropização, uma vez que para nosso conjunto de dados, estas famílias se fizeram presentes em SUS com maior nível de estresse ecológico, com pisoteio animal (ILP e PA), redução da diversidade florística e aplicação agroquímicos (ILP e PD), denotando alta capacidade de forrageamento destas famílias.

O estresse ecológico da aplicação de agroquímicos também foi reportado por NIEDOBOVÁ et al. (2016) ao avaliarem os efeitos subletais de surfactantes presentes em três classes de agroquímicos sobre a capacidade de predação de *Steatoda capensis* (Theridiidae). Adicionalmente, VENTURINO et al. (2008), demonstraram através de simulações numéricas os efeitos deletérios da aplicação de pesticidas nas populações de aranhas em vinhedos na Itália.

A conservação da fauna edáfica em áreas agrícolas é sem dúvida uma necessidade urgente, especialmente em táxons negligenciados como aranhas. Estes organismos exercem papel fundamental no controle biológico de pragas, além de serem indicadores de alterações secundárias na estrutura da comunidade da fauna do solo (LEROY et al., 2014, 2013; OLIVEIRA et al., 2016; POLCHANINOVA et al., 2016; SCOTT et al., 2006; TÖRÖK et al., 2016).

A associação das famílias de aranhas a determinadas plantas foi reportada por AMARAL et al. (2013) quando pesquisaram a estrutura da comunidade de aranhas em locais de produção de pimenta em Piranga (Minas Gerais, Brasil), estes autores concluíram que existe correlação bastante estreita entre determinadas espécies vegetais e determinadas famílias de aranhas. Essa relação pode orientar práticas de manejo para o controle biológico de pragas, principalmente em áreas de produção agrícola, onde a introdução de determinadas variedades

pode favorecer a comunidade de aranhas, permitindo que o controle biológico de pragas seja mais eficiente.

A ausência de relação direta no presente estudo, dos atributos físicos e químicos não num gradiente direto (análise de redundância) e sim num gradiente indireto “*a posteriori*”, na ACP como variáveis ambientais explicativas foram determinantes para explicar uma gama de relações de interdependência entre solo, planta e animal. Essa tríade é necessária para explicar como um conjunto de fatores (bióticos e abióticos) atua como filtro para as comunidades da fauna edáfica, especialmente de aranhas.

5.5 CONCLUSÕES

- ✓ Os sistemas de uso e manejo do solo condicionam a estrutura da comunidade de famílias de aranhas sendo os ambientes mais preservados tais como floresta nativa e reflorestamento de eucalipto responsáveis pela maior diversidade.
- ✓ As famílias Theridiidae e Oonopidae apresentam maior sensibilidade às modificações causadas pelo manejo e portanto tem potencial para serem indicadoras de ambientes preservados, uma vez que ficaram mais associadas a floresta nativa.
- ✓ As famílias Lycosidae, Linyphiidae, Oxyopidae e Tetragnathidae são famílias mais bem adaptadas a ambientes com maior nível de intervenção antrópica e portanto, são potenciais indicadoras de locais impactados em alguma escala, como áreas agrícolas.
- ✓ Sugere-se a utilização dos dois métodos de amostragem (Armadilhas + TSBF) para avaliação da biodiversidade de famílias de aranhas a fim de minimizar as limitações amostrais.

REFERÊNCIAS

- AMARAL, D. S. S. L. et al. Non-crop vegetation associated with chili pepper agroecosystems promote the abundance and survival of aphid predators. **Biological Control**, v. 64, n. 3, p. 338–346, 2013.
- AUCLERC, A. et al. Changes in soil macroinvertebrate communities following liming of acidified forested catchments in the Vosges Mountains (North-eastern France). **Ecological Engineering**, v. 42, p. 260–269, 2012.
- BARETTA, D. et al. Efeito do cultivo do solo sobre a diversidade da fauna edáfica no planalto sul catarinense. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 5, n. 2, p. 108–117, 2007.
- BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014.
- BARETTA, D. et al. Trap and soil monolith sampled edaphic spiders (arachnida: araneae) in Araucaria angustifolia forest. **Scientia Agricola**, v. 64, n. 4, p. 375–383, 2007.

BATTIROLA, L. D. et al. Comunidade edáfica de Araneae (Arthropoda, Arachnida) em uma floresta sazonalmente inundável na região Norte do Pantanal de Mato Grosso, Brasil. **Biota Neotropica**, v. 10, n. 2, p. 0–0, 2010.

BRASCHLER, B.; BAUR, B. Diverse Effects of a Seven-Year Experimental Grassland Fragmentation on Major Invertebrate Groups. **PlosOne**, 2016.

BRAZIL, T.; ALMEIDA-SILVA, L. Aranhas sinantrópicas em três bairros da cidade de Salvador, Bahia, Brasil (Arachnida, Araneae). **Urban Ecosystems**, v. 5, p. 1–7, 2005.

CARPIO, A. J. et al. Land use and biodiversity patterns of the herpetofauna: The role of olive groves. **Acta Oecologica**, v. 70, p. 103–111, 2016.

CHOATE, B. A.; LUNDGREN, J. G. Invertebrate communities in spring wheat and the identification of cereal aphid predators through molecular gut content analysis. **Crop Protection**, v. 77, p. 110–118, 2015.

COYLE, D. R. et al. Soil fauna responses to natural disturbances, invasive species, and global climate change: Current state of the science and a call to action. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 110, p. 116–133, 2017.

ROSA, M. G. et al. Macrofauna edáfica e atributos físicos e químicos em sistemas de uso do solo no planalto catarinense. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 39, n. 6, p. 1544–1553, 2015.

DENNIS, P. et al. The response of spider (Araneae) assemblages to structural heterogeneity and prey abundance in sub-montane vegetation modified by conservation grazing. **Global Ecology and Conservation**, v. 3, p. 715–728, 2015.

DIAS, M. D. F. D. R.; BRESCOVIT, A. D. A. D.; MENEZES, M. DE. Aranhas de solo (Arachnida: Araneae) em diferentes fragmentos florestais no sul da Bahia, Brasil. **Biota Neotropica**, v. 5, n. 1a, p. 141–150, 2005.

DIAS, S. C. et al. Refining the establishment of guilds in Neotropical spiders (Arachnida: Araneae). **Journal of Natural History**, v. 44, n. February 2015, p. 219–239, 2009.

GAO, X. et al. Effect of environmental exposure on charcoal density and porosity in a boreal forest. **Science of The Total Environment**, v. 592, p. 316–325, ago. 2017.

GERLACH, J.; SAMWAYS, M.; PRYKE, J. Terrestrial invertebrates as bioindicators: An overview of available taxonomic groups. **Journal of Insect Conservation**, v. 17, n. 4, p. 831–850, 2013.

GONZÁLEZ-CHANG, M. et al. Food webs and biological control: A review of molecular tools used to reveal trophic interactions in agricultural systems. **Food Webs**, v. 9, p. 4–11, dez. 2016.

HADDAD, C. R. et al. Seasonal population dynamics of a specialized termite-eating spider (Araneae: Ammoxenidae) and its prey (Isoptera: Hodotermitidae). **Pedobiologia**, v. 59, n. 3, p. 105–110, 2016.

INDICATTI, R. P. et al. Diversidade de Aranhas (Arachnida, Araneae) de solo na bacia do Reservatório do Guarapiranga, São Paulo, São Paulo, Brasil. **Biota Neotropica**, v. 5(n1a), n. <http://www.biotaneotropica.org.br/v5n1a/pt/abstract?inventory+BN011051a2005>, p. 1–12, 2005.

KORMANN, U. et al. Local and landscape management drive trait-mediated biodiversity of nine taxa on small grassland fragments. **Diversity and Distributions**, v. 21, n. 10, p. 1204–1217, 2015.

LECQ, S. et al. Importance of ground refuges for the biodiversity in agricultural hedgerows. **Ecological Indicators**, v. 72, p. 615–626, 2017.

LEROY, B. et al. First assessment of effects of global change on threatened spiders: Potential impacts on *Dolomedes plantarius* (Clerck) and its conservation plans. **Biological Conservation**, v. 161, p. 155–163, maio 2013.

LEROY, B.; LE VIOL, I.; PÉTILLON, J. Complementarity of rarity, specialisation and functional diversity metrics to assess community responses to environmental changes, using an example of spider communities in salt marshes. **Ecological Indicators**, v. 46, p. 351–357, 2014.

LIU, S. et al. Spider foraging strategy affects trophic cascades under natural and drought conditions. **Scientific reports**, v. 5, p. 12396, 2015.

LIU, S. et al. Effects of Seasonal and Perennial Grazing on Soil Fauna Community and Microbial Biomass Carbon in the Subalpine Meadows of Yunnan, Southwest China. **Pedosphere**, v. 27, n. 2, p. 371–379, 2017.

MADER, V. et al. Land use at different spatial scales alters the functional role of web-building spiders in arthropod food webs. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 219, p. 152–162, 2016.

MALUMBRES-OLARTE, J. et al. Habitat specificity, Dispersal and burning season: Recovery indicators in New Zealand native grassland communities. **Biological Conservation**, v. 160, p. 140–149, 2013.

MAQSOOD, I. et al. Abundance and Fluctuation in Spider Diversity in Citrus Fruits from Located in Vicinity of Faisalabad Pakistan. **Journal of Northeast Agricultural University (English Edition)**, v. 23, n. 2, p. 59–64, jun. 2016.

MINEO, M. F.; DEL-CLARO, K.; BRESCOVIT, A. D. Seasonal variation of ground spiders in a Brazilian Savanna. **Zoologia (Curitiba, Impresso)**, v. 27, n. 3, p. 353–362, 2010.

MORRIËN, E. et al. Soil networks become more connected and take up more carbon as nature restoration progresses. **Nature Communications**, v. 8, p. 14349, 8 fev. 2017.

NIEDOBOVÁ, J.; HULA, V.; MICHALKO, R. Sublethal effect of agronomical surfactants on the spider *Pardosa agrestis*. **Environmental Pollution**, v. 213, p. 84–89, jun. 2016.

OELBERMANN, K.; SCHEU, S. Stable isotope enrichment ($\delta^{15}\text{N}$ and $\delta^{13}\text{C}$) in a generalist predator (*Pardosa lugubris*, Araneae: Lycosidae): effects of prey quality. **Oecologia**, v. 130, n. 3, p. 337–344, 1 fev. 2002.

OLIVEIRA, G. F. et al. Are conservation units in the Caatinga biome, Brazil, efficient in the protection of biodiversity? An analysis based on the drosophilid fauna. **Journal for Nature Conservation**, v. 34, p. 145–150, dez. 2016.

PICCHI, M. S. et al. Effects of local and landscape factors on spiders and olive fruit flies. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 222, p. 138–147, 2016.

POLCHANINOVA, N. et al. The impact of cattle grazing on cursorial spiders (Aranei) and true bugs (Heteroptera) in steppe gullies of northeastern Ukraine. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 234, p. 65–71, out. 2016.

PREZZI INDICATTI, R. et al. Litter dwelling mygalomorph spiders (Araneae : Microstigmatidae , Nemesiidae) from Araucaria forests in southern Brazil, with the description of five new species. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 25, n. 3, p. 529–546, 2008.

RODRIGUES, E. N. L.; MENDONÇA, M. S. Spider guilds in the tree-shrub strata of riparian forests in southern Brazil. **Journal of Arachnology**, v. 40, n. 1, p. 39–47, 2012.

SCOTT, A. G.; OXFORD, G. S.; SELDEN, P. A. Epigeic spiders as ecological indicators of conservation value for peat bogs. **Biological Conservation**, v. 127, n. 4, p. 420–428, fev. 2006.

SLESACK, R. A. et al. Changes in soil physical and chemical properties following organic matter removal and compaction: 20-year response of the aspen Lake-States Long Term Soil Productivity installations. **Forest Ecology and Management**, v. 392, p. 68–77, maio 2017.

SOUZA, S. T. DE et al. Abundance and Diversity of Soil Macrofauna in Native Forest, Eucalyptus Plantations, Perennial Pasture, Integrated Crop-Livestock, and No-Tillage Cropping. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 40, p. 1–14, 2016.

TÖRÖK, P. et al. Managing for species composition or diversity? Pastoral and free grazing systems in alkali steppes. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 234, p. 23–30, out. 2016.

VENTURINO, E. et al. Biological controls of intensive agroecosystems: Wanderer spiders in the Langa Astigiana. **Ecological Complexity**, v. 5, n. 2, p. 157–164, jun. 2008.

WOODCOCK, B. A. et al. Enhancing beetle and spider communities in agricultural grasslands: The roles of seed addition and habitat management. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 167, p. 79–85, 2013.

YANG, Z.; NOLTE, S.; WU, J. Tidal flooding diminishes the effects of livestock grazing on soil micro-food webs in a coastal saltmarsh. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 236, p. 177–186, jan. 2017.

CAPÍTULO 6 - QUANTAS AMOSTRAS SÃO NECESSÁRIAS PARA AVALIAÇÃO DE MINHOCAS E ARANHAS EDÁFICAS EM SOLOS SUBTROPICAIS?

RESUMO

As minhocas e aranhas edáficas desempenham papel importante em diversos processos do solo. No entanto os programas que visam o seu monitoramento não possuem uma referência de quantas amostras são necessárias para fins de avaliação de sua biodiversidade. O presente trabalho buscou delimitar quantas amostras são necessárias para avaliação de minhocas e aranhas edáficas em sistemas de uso do solo (SUS) com crescente nível de intervenção antrópica no Estado de Santa Catarina. (SC). Utilizou-se duas metodologias de coleta para os organismos estudados, sendo *Tropical Soil Biology and Fertility* (TSBF) e armadilhas de solo (*Pitfall traps*) em duas estações do ano. As amostras foram coletadas em grade de amostragem de 3x3, totalizando 27 pontos em cada SUS, distanciados entre si 30m, em quatro regiões de SC. Os SUS avaliados foram, floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD). Foram avaliados 1080 pontos para cada metodologia (inverno + verão). Verificamos um alto valor de correlação entre o índice de Jaccard e o esforço amostral necessário para coletar 60% da biodiversidade de aranhas e minhocas. O nível de intervenção antrópica promoveu simplificação das comunidades, especialmente de minhocas. Os SUS apresentaram comportamentos distintos em termos de flutuação populacional dos táxons estudados, resultando na suficiência amostral para a maioria dos locais de amostragem para minhocas. Por outro lado, para aranhas o mesmo comportamento não foi observado. Os SUS com maior intensificação do uso do solo requerem menor número de amostras para atingir 60% da biodiversidade de minhocas. Para as quatro regiões de SC 27 pontos foram suficientes para captar 60% da riqueza de minhocas. A relação entre o esforço amostral e dissimilaridade entre os SUS amostrados, aponta que a heterogeneidade dos locais de amostragem condiciona a estrutura da comunidade de aranhas durante a época do ano. A sazonalidade interfere no esforço amostral, apontando para necessidade amostral diferente, dependendo da estação do ano em que o monitoramento será executado. Áreas com simplificação da vegetação e/ou impacto da atividade agrícola, necessitam de menor esforço amostral em função da redução da biodiversidade de aranhas e minhocas, causada pelo manejo.

Palavras chave: Esforço amostral 1, Aranhas 2, Minhocas 3, Sistemas de Uso do Solo 4

ABSTRACT

Earthworms and soil spiders play an important role in various soil processes. However, the programs that aim at their monitoring do not have a reference of how many samples are necessary for the evaluation of their biodiversity. The present work sought to delineate how many samples are necessary for the evaluation of earthworms and soil spiders in soil use systems (SUS) with increasing levels of anthropogenic intervention in the State of Santa Catarina. (SC). Two sampling methods Soil Biology and Fertility (TSBF) and soil traps (Pitfall traps) were used in two seasons of the year. The samples were collected in a 3x3 sampling grid, totaling 27 points in each SUS, 30m apart, in 4 SC regions. The evaluated SUS were: native forest (NF), eucalyptus plantation (EP), perennial pasture (PP), crop-livestock integration (CLI) and no-tillage (NT). We evaluated 1080 points for each methodology (winter + summer). There was a high correlation between the Jaccard index and the sampling effort required to collect 60% of the biodiversity of spiders and worms. The level of anthropogenic intervention promoted a simplification of communities, especially earthworms. SUS presented different behaviors in terms of population fluctuation of the studied taxa, resulting in sample sufficiency for most of the worm sampling sites; on the other hand, for spiders the same behavior was not observed. SUSs with greater intensification of soil use require less samples to reach 60% of earthworm biodiversity. For the all SC regions, 27 points were enough to capture 60% of earthworm richness. The relationship between sample effort and dissimilarity among the sampled SUS indicates that the heterogeneity of sampling sites conditions the structure of the spider community during the time of year. Seasonality interferes in the sampling effort, pointing to a different sampling need, depending on the season of the year in which the monitoring will be performed. Areas with vegetation simplification and /or impact of agricultural activity require a smaller sample effort due to the reduction of the biodiversity of spiders and worms, caused by the management.

Keywords: Sampling effort 1, Spiders 2, Earthworms 3, Land use systems 4.

6.1 INTRODUÇÃO

Quantificar a biodiversidade edáfica não é a única dificuldade enfrentado pelos pesquisadores, mas o tempo despendido nas pesquisas e o investimento em treinamento de taxonomistas ainda não são suficientes para o conhecimento da biodiversidade edáfica na América do Sul (DECAËNS et al., 2013; GOTELLI; COLWELL, 2001). Aliado a isso a maior

parte dos trabalhos são esporádicos ou inexistentes para alguns táxons, subestimando os valores de riqueza e orientando práticas inadequadas para monitoramento e conservação das populações edáficas (GARDI; JEFFERY; SALTELLI, 2013).

Além do número de amostras, também há de se levar em consideração fatores intrínsecos à biologia do organismo, tais como a sua área vital, a capacidade de dispersão, ou mesmo o comportamento gregário. Contudo, fatores limitantes como manejo intenso em áreas agrícolas e compartimento do solo que habita são as variáveis que podem influenciar no número de amostras necessárias para o monitoramento e avaliação da biodiversidade (REIS et al., 2016).

Minhocas e aranhas são animais errantes e habitam compartimentos do solo diferentes, enquanto as minhocas são predominantemente edáficas e as aranhas edáficas são em sua maioria epigeicas. A mobilidade destes organismos no solo é também um dos fatores que os coloca na lista de organismos indicadores de qualidade do solo, em se tratando de aranhas a alta mobilidade lhes confere facilidade de fuga na presença de algum agente estressor no ecossistema (MARC; CANARD; YSNEL, 1999; REICH et al., 2005; CARDOSO et al., 2011; PRIETO-BENÍTEZ; MÉNDEZ, 2011; YVAN et al., 2012; POSTMA-BLAAUW et al., 2012; RICKERT et al., 2012; LEROY; LE VIOL; PÉTILLON, 2014; MUELLER et al., 2016; PANSU et al., 2015; PIRON et al., 2016).

Por mediarem processos chave nos ecossistemas terrestres, estes organismos podem sofrer declínio das populações rapidamente, dependendo da intensidade de uso e manejo agrícola. Essa relação de dependência entre o grau de intervenção antrópica e a diversidade e densidade de minhocas e aranhas já é bem documentada na literatura (BARETTA et al., 2010; BARTZ et al., 2014; VAN GROENIGEN et al., 2014). Nomeadamente, o revolvimento do solo, aplicação de defensivos agrícolas e monocultura são os principais fatores que causam a redução ou persistência de espécies exóticas (BOTTINELLI et al., 2010; KIM et al., 2015; LUBBERS; PULLEMAN; VAN GROENIGEN, 2017; ZHANG et al., 2016). (DE GOEDE; BRUSSAARD; AKKERMANS, 2003; TAO et al., 2016; COTTER et al., 2017).

Por outro lado as aranhas são predadoras bastante ativas executando papel fundamental no controle biológico das populações de outros invertebrados terrestres, deste modo, tornando-se dependente de ecossistemas estáveis do ponto de vista ecológico (LEFEBVRE et al., 2016, 2017). O manejo tende a causar situações de estresse ambiental e, portanto toda a cadeia trófica torna-se desequilibrada, resultando no declínio de predadores como aranhas, por exemplo (BABA; TANAKA, 2016).

Entretanto, a inexistência de informações sobre a riqueza de minhocas e aranhas edáficas, em locais de produção agrícola, torna difícil a implementação de estudos de monitoramento e avaliação de risco ecológico, que possam servir para nortear práticas agrícolas sustentáveis (KNUDSEN et al., 2016; SILVANO et al., 2017). A escassez de informação sobre estes organismos, perpassa por duas dificuldades básicas: 1- A diversidade destes organismos do solo é imensamente grande e 2- Carência de estudos de avaliação da diversidade de minhocas e aranhas em diferentes condições de uso do solo levando à inexistência de valores de referência destes organismos para cada tipo de uso. Desta forma, delimitar o número mínimo de amostras necessárias para quantificar a biodiversidade é uma das propostas minimamente necessária para tomada de decisões na gestão de áreas sob manejo agrícola.

Neste sentido, ressalta-se que o número de amostras coletadas será dependente do nível de estresse ecológico do local estudado e possivelmente um número fixo de amostras necessárias para avaliação da biodiversidade nunca será definido, especialmente devido às variações em termos de heterogeneidade ambiental, que serão necessariamente diferentes entre regiões geográficas, tipos de ecossistemas e tipos de uso do solo (POMPEO et al., 2016; ROSA et al., 2015; SOUZA et al., 2016).

Aqui apresentamos como o esforço amostral para fins de monitoramento e avaliação da biodiversidade de minhocas e aranhas edáficas pode ser diferente entre os sistemas de uso do solo (SUS) no estado de Santa Catarina, Brasil.

6.2 MATERIAL E MÉTODOS

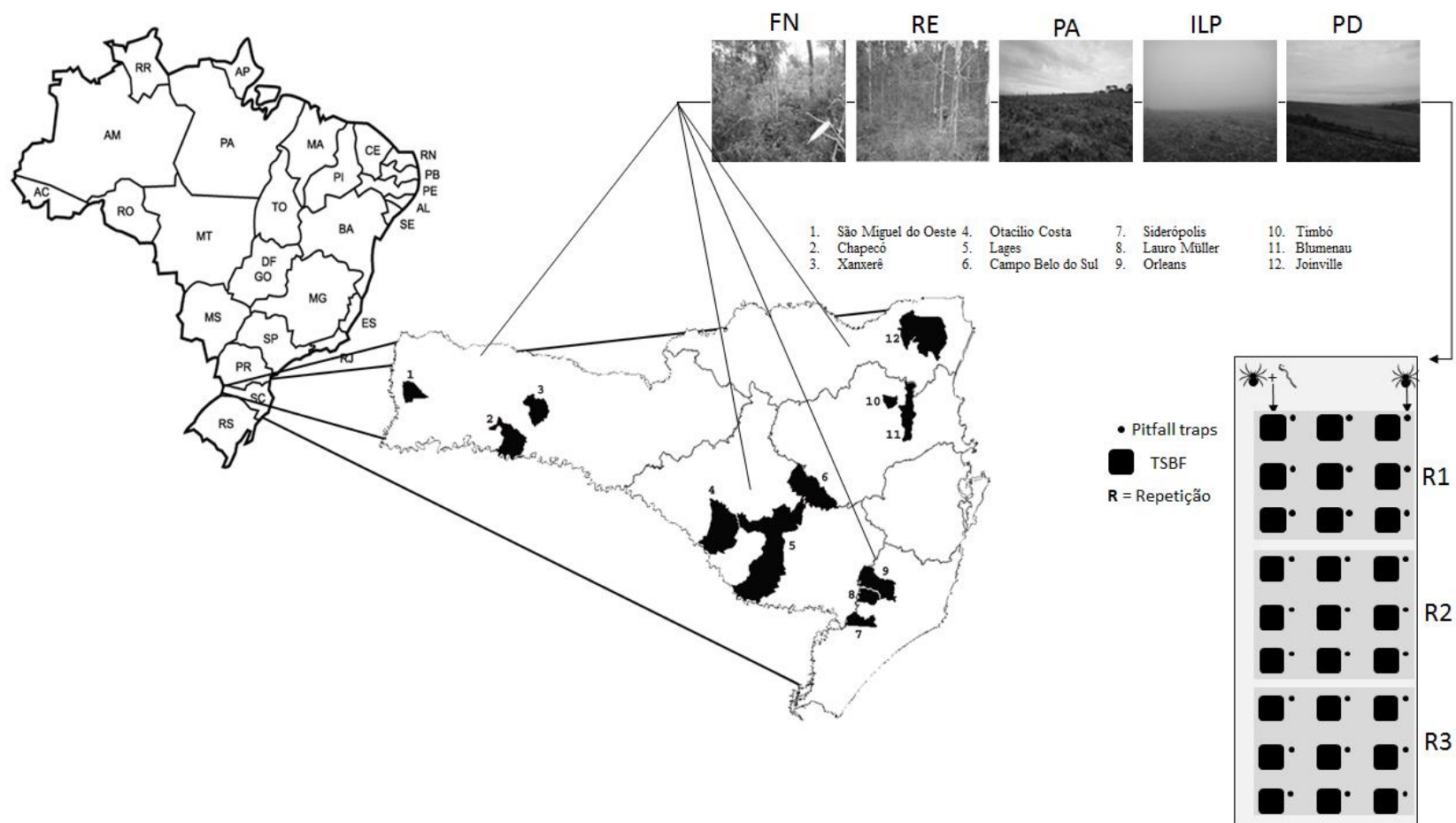
6.2.1 Locais de amostragem

O presente estudo foi realizado em quatro regiões (Oeste, Planalto, Leste e Sul) no Estado de Santa Catarina (SC). Cada região foi composta por três municípios: Chapecó (XAP), Xanxerê (XAN) e São Miguel do Oeste (SMO) no oeste; Distrito de Santa Terezinha do Salto no município de Lages (STS), Otacílio Costa (OTC) e Campo Belo do Sul (CBS) no Planalto; Joinville (JOI), Timbó (TIM) e Blumenau (BLU) no Leste e Orleans (ORL), Siderópolis (SID) e Lauro Müller (LAU) no Sul (Figura 6.1).

Os municípios foram selecionados tendo em conta a sua semelhança relativamente às características de relevo, clima, tipo de solo e manejo. Em cada um dos municípios foram selecionados cinco sistemas de uso do solo (SUS) em um gradiente com intensidade crescente de manejo: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP) e plantio direto (PD).

A altitude dos locais de amostragem no Oeste varia de 593 a 746 m, no Planalto entre 852-1016m e no Sul e Leste de 147-133m. O clima nas regiões Sul e Leste é mesotérmico úmido (Cfa), com verões quentes enquanto nas regiões do Planalto e Oeste temperado mesotérmico úmido (Cfb) com verões amenos, segundo a classificação de Köppen. As temperaturas médias variam entre 18-22 ° C no Oeste, 14-18 ° C no Planalto, 20-22 ° C no Leste e 19-20 ° C no Sul. Nenhuma das regiões apresenta época seca evidente e a chuva cai durante todo o ano. Os solos são predominantemente argilosos, exceto no Sul, que apresenta solos de argila média a arenosa e a caracterização de cada uma das áreas pode ser visualizada no anexo 1.

Figura 6.1. Mapa mostrando os municípios e regiões do estado de Santa Catarina, no Brasil, onde foi realizada amostragem de minhocas e aranhas. Onde: floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), integração lavoura-pecuária (ILP), plantio direto (PD). Região Oeste (1,2,3); Planalto (4,5,6); Sul (7,8,9); Leste (10,11,12).



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

6.2.2 Coleta das espécies

6.2.2.1. Aranhas

Para a coleta de aranhas utilizaram-se dois métodos: TSBF (*Tropical Soil Biology and Fertility*) (ANDERSON & INGRAM, 1993) e armadilhas de solo do tipo *Pitfall traps* (BARETTA et al., 2007b) no inverno e verão de 2011 e 2012, respectivamente. As amostras em ambos os métodos foram coletados dentro de um grid de 3 x 3, com espaçamento entre cada ponto de 30 m, respeitando 20 m de bordadura, num total de 1080 pontos para cada um dos métodos (540 no inverno + 540 no verão) em área total de 1 ha em cada um dos SUS. Cada município foi considerado réplica verdadeira dos SUS (Figura 6.1). Maiores detalhes sobre esquema amostral podem ser obtidas em BARTZ et al. (2014a); SOUZA et al. (2016) e no Anexo 1.

As armadilhas de solo foram instaladas a aproximadamente 30 cm dos pontos de coleta do método TSBF e deixadas a campo por três dias, decorrido o tempo, foram recolhidas, levadas ao laboratório onde os organismos coletados foram separados com auxílio de peneiras de 0,125 mm.

Todas as aranhas encontradas foram fixadas em álcool 80% e encaminhados para identificação a nível de espécie quando possível no Instituto Butantan em São Paulo, onde após a identificação foram depositadas na coleção de Aracnídeos e Miriápodes do Laboratório Especial de Coleções Zoológicas (LECZ) do Instituto Butantan (A.D. Brescovit, curador).

6.2.2.2. Minhocas

Para a amostragem das minhocas utilizou-se o método TSBF onde os indivíduos encontrados foram fixados em álcool 99% e posteriormente identificado até o maior nível taxonômico possível através de chaves dicotômicas por uma especialista. Todo material identificado foi depositado na Coleção de Oligochaetas Fritz Müller, localizado na EMBRAPA Florestas (George G. Brown, curador).

As coletas foram efetuadas no inverno de 2011 (nos meses de junho e julho), e no verão (nos meses de dezembro de 2011 e janeiro de 2012). Períodos estes em que as condições de temperatura e precipitação foram representativas do ambiente regional (SANTA CATARINA, 1986). A área de amostragem do TSBF em cada ponto foi de 25 x 25 cm, escavando o solo a 20 cm de profundidade. O solo coletado foi acondicionado em sacos plásticos e levados ao laboratório onde ocorreu triagem manual, com o auxílio de iluminação artificial.

6.2.3 Análise dos dados

Para o cálculo do esforço amostral (o número de amostras necessário para recolher determinada percentagem da riqueza de um local), as amostras dos diferentes municípios de cada região foram agrupadas em diferentes SUS. Assim, cada SUS de cada região contém 27 amostras. Os cálculos foram repetidos para cada período (Inverno, Verão) e grupo taxonômico. Por conseguinte, foram realizadas 4 análises independentes: 20 SUS * 2 períodos de amostragem * 2 grupos taxonômicos. Toda a análise estatística foi efetuada no programa R (R CORE TEAM, 2016).

O cálculo do esforço de amostragem levou em conta a riqueza de espécies de cada SUS de cada região. Consideramos haver suficiência amostral sempre que 27 amostras foram suficientes para capturar pelo menos 60% de biodiversidade em cada SUS, devido às limitações de recursos e tempo despendido na coleta. O protocolo para o cálculo do esforço de amostragem foi adaptado de REIS et al., (2016). Foram calculados os valores esperados de riqueza para cada número de amostras acumuladas entre 1 e 27 usando o método exato (UGLAND; GRAY; ELLINGSEN, 2003; KINDT; VAN DAMME; SIMONS, 2006), para isso utilizou-se a função “speccaccum” do pacote “vegan” (OKSANEN et al., 2013). SUS que não tivessem mais do que uma espécie foram retirados desta análise.

Em seguida, os valores de riqueza esperada para cada número acumulado de amostras foram ajustados ao modelo exponencial negativo com a fórmula $S(t) = a/b * [1 - \text{EXP}(-b * t)]$, onde $S(t)$ é o número de espécies para t amostras acumuladas, a e b parâmetros que regulam a forma da curva e a/b a assíntota para um determinado local (SHIU; LEE, 2003). Os modelos foram construídos usando a função “nlsLM” do pacote minpack.lm (ELZHOV et al., 2016). Em seguida calcularam-se os valores de R^2 para cada um dos modelos. Nesta fase, foram retirados os SUS cuja assíntota fosse muito elevada (superior a 1000 espécies) ou negativa (que aconteceu em SUS com poucos indivíduos e espécies).

O esforço de amostragem foi então calculado com a mesma função mas em ordem a q : $t_q = -1/b \ln(1 - q)$ (SHIU & LEE, 2003), em que t_q é o número de amostras necessário para amostrar uma fração q da riqueza total. Para ajudar à visualização dos resultados, foi calculado o esforço de amostragem para cada SUS para 60, 70, 80, 90 e 99% da riqueza total. Para a construção dos gráficos “boxplot” usamos a ferramenta “ggplot” do pacote “ggplot2” (WICKHAM, 2009) e ainda a ferramenta “melt” do pacote “reshape2” (WICKHAM, 2007) para fazer transformações de tabelas de dados.

Para estudar o efeito da heterogeneidade da distribuição das espécies de minhocas e aranhas no esforço de amostragem também seguimos o protocolo de cálculo do indicador de heterogeneidade apresentado por REIS et al. (2016). Foram criadas matrizes de dissimilaridade usando a versão binária do índice de Jaccard com o pacote “vegan” com a média de dissimilaridade usada como indicador de heterogeneidade, depois de removidas as comparações entre amostras sem indivíduos dessa média. A relação entre o esforço de amostragem para um nível de riqueza total foi dada pela assíntota de 60%, e a riqueza de espécies e a heterogeneidade foram apresentadas por meio de gráficos de bolhas. Adicionalmente, calculámos o coeficiente de Pearson para cada uma das comparações entre esforço de amostragem e heterogeneidade, porém retirando SUS cujo valor de esforço de amostragem fosse superior a 60 amostras. A lista completa dos SUS que não entraram em todas ou em partes das análises pode ser visualizado no quadro 6.1.

Quadro 6.1: Lista dos Sistemas de Uso do Solo (SUS) floresta nativa (FN), reflorestamento de eucalipto (RE), pastagem perene (PA), plantio direto (PD) nas regiões Leste, Planalto, Oeste e Sul que foram removidos de todas ou apenas algumas análises.

Grupo	Período de amostragem	Análise em que o SUS foi retirado		
		Região SUS		Motivo
Aranhas	Inverno	Leste RE	Todas	valor de assíntota negativa
		Planalto RE	Correlação de Pearson	Esforço de amostragem superior a 60 amostras
	Verão	Leste FN	Correlação de Pearson	Esforço de amostragem superior a 60 amostras
		Leste PD	Correlação de Pearson	Esforço de amostragem superior a 60 amostras
Minhocas	Inverno	Leste FN	Todas	Total de espécies observadas < 2
		Oeste RE	Correlação de Pearson	Esforço de amostragem superior a 60 amostras
		Planalto FN	Correlação de Pearson	Esforço de amostragem superior a 60 amostras
		Sul PA	Todas	Total de espécies observadas < 2
		Sul RE	Todas	Total de espécies observadas < 2
	Verão	Planalto PA	Todas	Valor de assíntota negativa
		Planalto RE	Todas	Valor de assíntota irrealisticamente elevada
		Sul PA	Todas	Total de espécies observadas < 2
		Sul RE	Todas	Total de espécies observadas < 2

6.3 RESULTADOS

6.3.1 Esforço amostral

6.3.1.1 Aranhas

Ao todo foram amostrados 943 indivíduos entre os dois métodos (*Pitfall* + TSBF). Destes, 495 foram encontrados durante o verão (Quadro 6.2) e 448 durante o inverno (Quadro 6.3), distribuídos em 83 e 71 morfoespécies, respectivamente. Na maior parte dos locais amostrados a assíntota foi atingida em todos os SUS avaliados nas quatro regiões (Quadros 6.2 e 6.3). A suficiência amostral (assíntota) para cada SUS diferiu de acordo com a estação do ano e com a região amostrada.

6.3.1.1.1 Planalto catarinense

Durante o inverno, apenas FN e ILP apresentaram suficiência amostral, enquanto que PA, PD e RE precisam de 40, 31 e 97 pontos amostrais, respectivamente (Quadro 6.2). Durante o verão, FN e PD atingiram a assíntota com 27 pontos de amostrais, ILP, PA e RE necessitam de 34, 42 e 32 pontos amostrais, respectivamente para captar a mesma porcentagem da riqueza de aranhas (Quadros 6.2 e 6.3).

6.3.1.1.2 Região Oeste

No inverno, a suficiência amostral foi atingida em PD e RE com 27 e 12 pontos de coleta respectivamente, e foram responsáveis por coletar 60% da riqueza, enquanto ILP, FN e PA necessitam maior esforço amostral, 28, 40 e 30 pontos amostrais (Quadro 6.3). Durante o verão não houve diferença no comportamento dos dados, ou seja, PD e RE atingiram a suficiência amostral com 22 e 18 pontos respectivamente, enquanto FN, ILP e PA necessitam de 52, 41 e 37 pontos, respectivamente, para captar 60% da riqueza de aranhas (Quadros 6.2 e 6.3 e figura 6.2).

Quadro 6.2– Cálculo do esforço amostral necessário para captar 60, 70, 80 E 90% da biodiversidade de aranhas e minhocas, nas regiões Leste, Oeste, Planalto e Sul de Santa Catarina, Brasil sistemas de uso do solo locais de floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) durante o verão de 2011 e 2013. Espécies Observadas (E.O.); Espécies Esperadas (E.ESP.) e Total da biodiversidade captada (t); Linhas preenchidas com (-) não obtiveram diversidade suficiente par ao cálculo de esforço amostral.

Época	Região	Aranhas								Minhocas						
		SUS	E.O.	E.ESP.	t(60%)	t(70%)	t(80%)	t(90%)	R^2	E.O.	E.ESP.	t(60%)	t(70%)	t(80%)	t(90%)	R^2
Verão	LESTE	FN	12,0	48,0	86,5	113,7	152,0	217,4	1,0	2	2,0	2,0	2,6	3,5	5,0	0,9
		ILP	7,0	9,2	17,7	23,3	31,1	44,5	1,0	4	4,1	8,9	11,6	15,6	22,2	1,0
		PA	12,0	23,7	35,5	46,6	62,3	89,1	1,0	4	4,1	9,8	12,9	17,3	24,7	0,9
		PD	6,0	20,8	72,6	95,5	127,6	182,6	1,0	2	1,8	4,5	6,0	8,0	11,4	0,8
		RE	7,0	10,2	22,1	29,1	38,9	55,7	1,0	4	3,9	6,1	8,0	10,7	15,3	0,9
	OESTE	FN	24,0	62,8	51,4	67,6	90,3	129,2	1,0	3	4,4	21,7	28,5	38,1	54,5	1,0
		ILP	9,0	19,8	40,9	53,7	71,9	102,8	1,0	3	3,8	16,7	22,0	29,4	42,0	1,0
		PA	9,0	18,5	36,9	48,5	64,8	92,8	1,0	2	2,0	3,9	5,1	6,8	9,8	1,0
		PD	6,0	8,7	21,7	28,5	38,1	54,5	1,0	2	2,2	10,9	14,4	19,2	27,5	1,0
		RE	9,0	11,5	17,3	22,8	30,5	43,6	1,0	2	3,2	25,0	32,9	43,9	62,8	1,0
	PLANALTO	FN	20,0	25,0	15,7	20,7	27,6	39,5	1,0	3	4,2	19,1	25,0	33,5	47,9	1,0
		ILP	15,0	29,0	34,2	44,9	60,0	85,9	1,0	6	6,0	7,3	9,5	12,7	18,2	1,0
		PA	15,0	33,4	41,8	55,0	73,5	105,1	1,0	-	-	-	-	-	-	-
		PD	9,0	14,5	26,3	34,6	46,3	66,2	1,0	5	9,1	31,0	40,7	54,4	77,8	1,0
		RE	15,0	27,4	31,5	41,4	55,3	79,1	1,0	-	-	-	-	-	-	-
	SUL	FN	14,0	33,8	46,3	60,9	81,4	116,4	1,0	2	2,0	8,0	10,5	14,0	20,0	1,0
		ILP	9,0	12,9	20,7	27,2	36,4	52,0	1,0	5	6,2	15,7	20,7	27,6	39,5	1,0
		PA	10,0	16,9	28,0	36,8	49,2	70,4	1,0	-	-	-	-	-	-	-
		PD	11,0	13,8	16,5	21,6	28,9	41,4	1,0	4	4,2	8,4	11,0	14,7	21,0	1,0
		RE	12,0	22,9	33,5	44,1	58,9	84,3	1,0	-	-	-	-	-	-	-

Quadro 6.3. Cálculo do esforço amostral necessário para captar 60, 70, 80 E 90% da biodiversidade de aranhas e minhocas, no Leste, Oeste, Planalto e Sul de Santa Catarina, Brasil em locais de floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) durante o inverno de 2011 e 2013. Espécies Observadas (E.O.); Espécies Esperadas (E.ESP.) e Total da biodiversidade captada (t); Linhas preenchidas com (-) não obtiveram diversidade suficiente par ao cálculo de esforço amostral.

Época	Região	SUS	Aranhas							Minhocas						
			E.O.	E.ESP.	t(60%)	t(70%)	t(80%)	t(90%)	R^2	E.O.	E.ESP.	t(60%)	t(70%)	t(80%)	t(90%)	R^2
INVERNO	LESTE	FN	9,0	18,5	36,9	48,5	64,8	92,8	1,0	-	-	-	-	-	-	-
		ILP	9,0	9,7	11,2	14,7	19,6	28,1	1,0	6	6,3	9,6	12,6	16,8	24,0	1,0
		PA	10,0	11,9	13,7	18,0	24,1	34,5	1,0	5	5,3	11,0	14,4	19,2	27,5	1,0
		PD	8,0	8,3	8,2	10,8	14,4	20,6	1,0	2	1,9	3,3	4,3	5,8	8,3	0,8
		RE	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1,7	3,7	4,9	6,6	9,4
	OESTE	FN	22,0	46,9	39,4	51,7	69,2	99,0	1,0	2	2,0	4,9	6,5	8,7	12,4	1,0
		ILP	11,0	18,4	27,8	36,6	48,9	69,9	1,0	12	14,1	13,3	17,4	23,3	33,3	1,0
		PA	12,0	21,3	30,3	39,9	53,3	76,2	1,0	8	8,3	8,4	11,1	14,8	21,2	1,0
		PD	8,0	13,3	26,8	35,2	47,0	67,3	1,0	6	8,0	18,8	24,7	33,0	47,2	1,0
		RE	7,0	7,9	12,3	16,2	21,6	30,9	1,0	5	15,0	60,7	79,8	106,7	152,6	1,0
	PLANALTO	FN	14,0	19,9	20,8	27,4	36,6	52,4	1,0	8	35,4	96,5	126,8	169,5	242,4	1,0
		ILP	8,0	11,2	20,2	26,6	35,5	50,8	1,0	10	10,2	6,5	8,5	11,4	16,3	1,0
		PA	12,0	25,9	39,8	52,3	69,9	100,0	1,0	7	9,2	17,7	23,3	31,1	44,5	1,0
		PD	5,0	9,1	31,0	40,7	54,4	77,8	1,0	11	11,4	9,4	12,3	16,5	23,6	1,0
		RE	8,0	35,4	96,5	126,8	169,5	242,4	1,0	3	3,2	9,3	12,3	16,4	23,5	1,0
	SUL	FN	9,0	18,5	36,9	48,5	64,8	92,8	1,0	2	2,0	8,0	10,5	14,0	20,0	1,0
		ILP	15,0	17,8	14,2	18,6	24,9	35,7	1,0	7	7,6	10,2	13,4	17,9	25,7	1,0
		PA	9,0	19,8	40,9	53,7	71,9	102,8	1,0	-	-	-	-	-	-	-
		PD	8,0	9,7	14,8	19,5	26,1	37,3	1,0	7	8,7	16,0	21,0	28,1	40,2	1,0
		RE	5,0	6,2	15,7	20,7	27,6	39,5	1,0	-	-	-	-	-	-	-

6.3.1.1.3 Região Leste

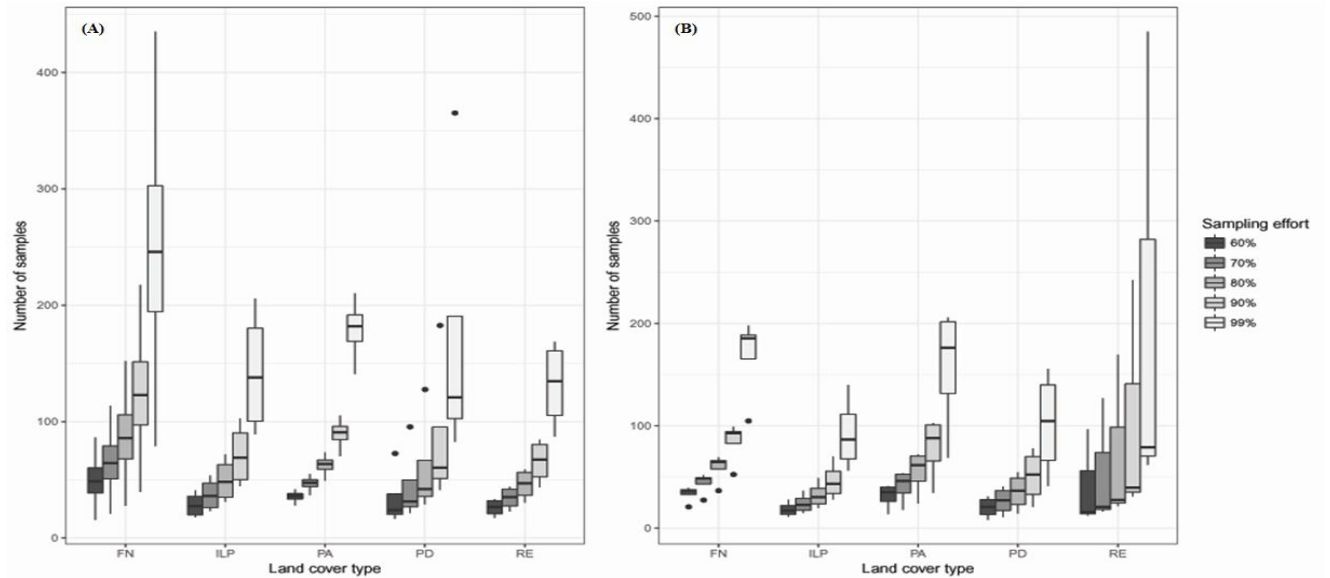
Durante o inverno, os sistemas ILP, PA e PD atingiram a suficiência amostral com 27 pontos amostrais e apenas FN necessitam de 37 pontos amostrais para captar 60% da riqueza de aranhas (Quadro 6.3). Ressalta-se aqui que o cálculo para RE não foi apresentado devido à baixa riqueza de aranhas. No verão ILP e RE apresentaram suficiência amostral, enquanto que FN, PA e PD precisam de cerca do dobro dos pontos que amostramos, ou seja, de 87, 36 e 73 amostras, respectivamente. (Quadro 6.2).

6.3.1.1.4 Região Sul

Durante o inverno, os sistemas FN e PA para atingir a suficiência amostral mínima de 60% seriam necessários 37 e 41 pontos amostrais, respectivamente. Enquanto os sistemas com algum nível de intervenção antrópica (ILP, PD e RE) atingiram a assíntota com 14, 15 e 16 pontos amostrais respectivamente, ressalta-se aqui que para estes locais, o número de amostras coletadas (n=27) foi capaz de superar a suficiência amostral mínima, chegando a aproximadamente 80% da biodiversidade de aranhas (Quadro 6.3). Durante o verão apenas PD e ILP atingiram a suficiência amostral mínima (60%) com 17 e 21 pontos amostrais, respectivamente, os demais SUS necessitam de 46 pontos em FN, 28 em PA e 33 em RE, (Quadro 6.2).

Assim, os SUS com menor intervenção antrópica tendem a necessitar de maior número de pontos amostrais, e o contrário também ocorre, ou seja, SUS com manejo do solo mais intenso reduzem a biodiversidade de aranhas edáficas, portanto, menos amostras são necessárias para avaliação da sua biodiversidade.

Figura 6.2 – Boxplot dos valores de esforço amostral de morfoespécies de aranhas nos Sistemas de Uso do Solo (SUS) de floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) no Verão (A) e no Inverno (B). Independente da região de amostragem.

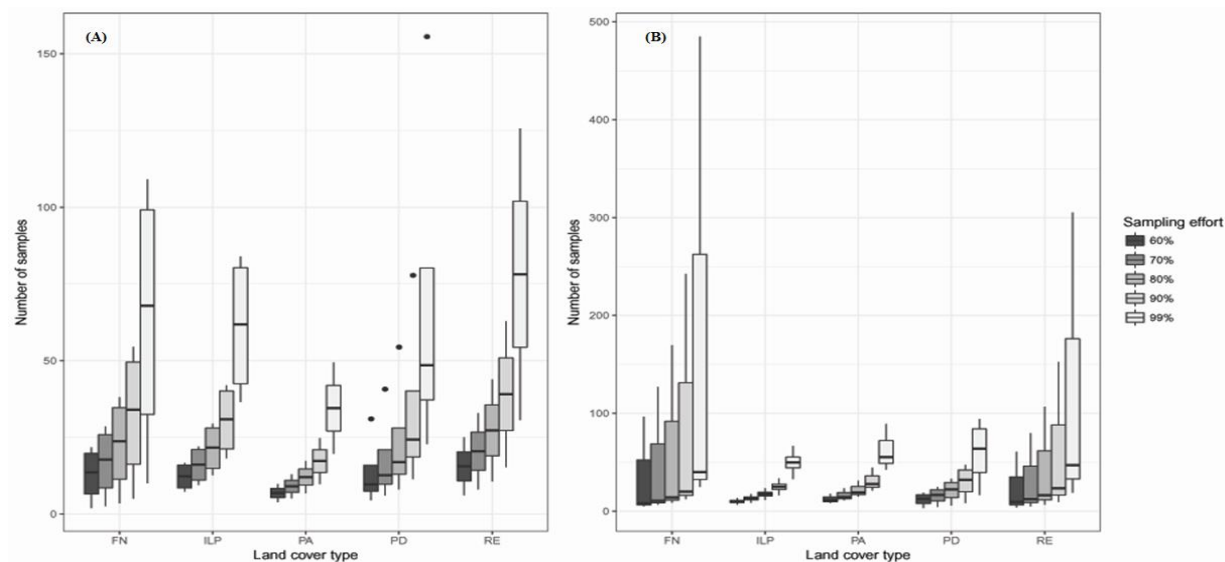


Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

6.3.1.2 Minhocas

Ao todo foram amostradas 2737 minhocas, sendo 1622 durante o inverno (Quadro 6.3) e 1115 durante o verão (Quadro 6.2), distribuídas em 33 e em 20 espécies de minhocas, respectivamente. Os resultados encontrados para minhocas apresentaram praticamente a mesma tendência das aranhas edáficas em todas as regiões, exceto durante o inverno na região Oeste em RE e no Planalto em FN onde a suficiência amostral não foi atingida, necessitando de 60 e 97 pontos amostrais, respectivamente. Nas coletas na época do verão a assíntota foi atingida em todos os SUS avaliados (Quadro 6.2) e desconsiderando a época de amostragem para esse táxon, observou-se que aproximadamente 15 pontos amostrais são suficientes para capturar pelo menos 60% da biodiversidade nos SUS avaliados (Quadros 6.2 e 6.3 e Figuras 6.3A e 6.3B).

Figura 6.3 - Boxplot dos valores de esforço amostral de morfoespécies de minhocas na floresta nativa (FN), Integração Lavoura-pecuária (ILP), Pastagem perene (PA), plantio direto (PD) e reflorestamento de eucalipto (RE) no Verão (A) e no Inverno (B). Independente da região de amostragem.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

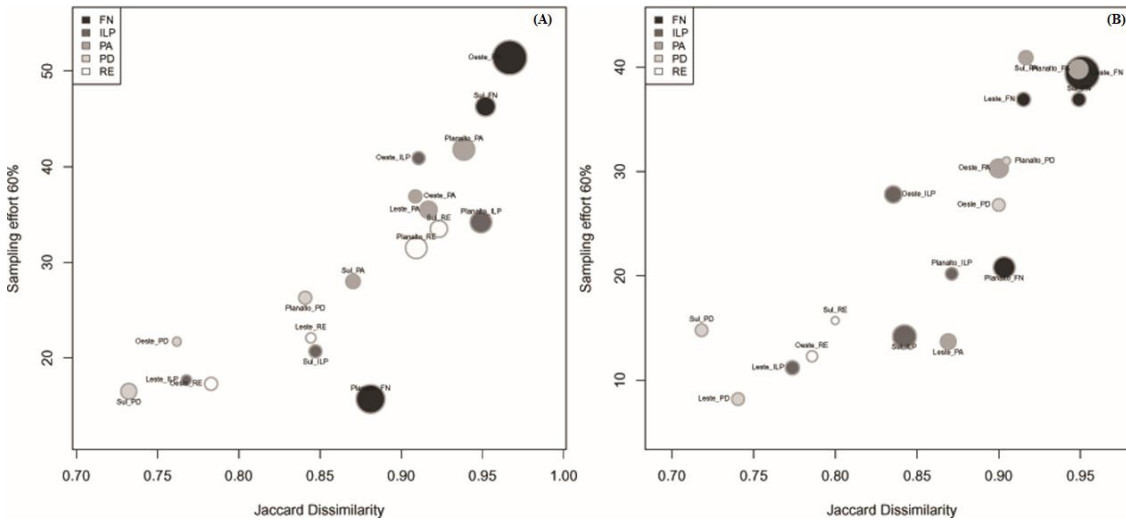
6.3.2 Esforço amostral e dissimilaridade entre amostras

6.3.2.1 Aranhas

Encontramos correlação (Pearson) média entre heterogeneidade de riqueza (dissimilaridade entre amostras medida pelo índice de Jaccard) e o esforço amostral, que foi de 86% no inverno e 85% no verão. Esta relação entre dissimilaridade média e eficiência amostral revela que em áreas onde a intervenção antrópica é reduzida ou inexistente (FN ou PA) faz-se necessário aumentar o número de pontos de coleta (Figura 6.4).

Durante o verão, as áreas com maior nível de intervenção antrópica (PD e ILP) demonstraram maior homogeneidade de riqueza (Índice de Jaccard ≤ 0.85), relacionada com um menor esforço amostral, ao passo que áreas com manejo reduzido ou inexistente apresentaram maior dissimilaridade (Índice de Jaccard ≥ 0.85) (Figura 6.4-A). Durante o inverno o comportamento dos dados mostrou-se semelhante ao verão, ou seja, os SUS que se apresentaram mais dissimilares, necessitam de maior esforço amostral (Figura 6.4-B). Adicionalmente, os valores de correlação parecem ainda ser influenciados pelos valores de riqueza específica registrados em cada local de amostragem, tendo em conta que áreas com maior a riqueza (e.g. “Oeste_FN” no verão) foi necessário maior esforço amostral (Figuras 6.4-A e 6.4-B).

Figura 6.4. Relação entre o esforço amostral para estimar 60% da riqueza de aranhas e a dissimilaridade média por Sistema de Uso do Solo (SUS). Círculos maiores indicam alta riqueza em cada SUS amostrado no Verão (A), Inverno (B).

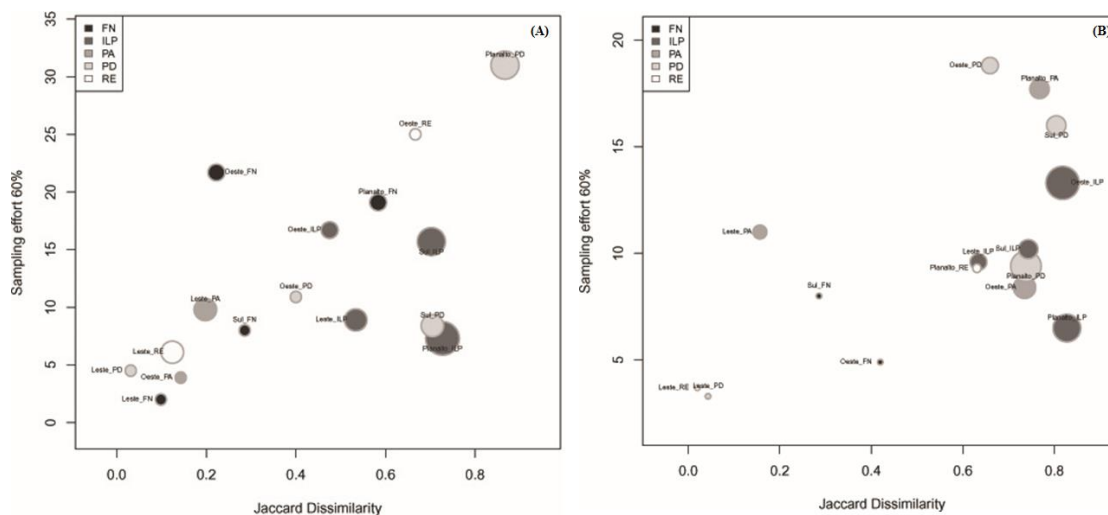


Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

6.3.2.2 Minhocas

Para as minhocas a correlação (Pearson) média entre o índice de Jaccard e o esforço amostral foi de 67% no inverno e 65% no verão, ou seja, a relação entre heterogeneidade de riqueza e eficiência amostral não foi tão evidente como para aranhas edáficas. Houve efeito da sazonalidade para as dissimilaridades tanto entre regiões como entre os SUS analisados. Durante o verão (Figura 6.5-A) os valores mais elevados de riqueza, e de heterogeneidade de riqueza entre amostras, registaram-se nos SUS mais manejados (ILP e PD) enquanto que em áreas com baixo nível de intervenção antrópica (FN, PA e RE) registraram uma maior homogeneidade em termos de riqueza (índice de Jaccard $\leq 0,2$). No inverno os sistemas manejados (ILP e PD) apresentaram alta dissimilaridade entre amostras, sendo os valores de riqueza e de heterogeneidade de riqueza, nos cultivos agrícolas, superior a áreas naturais ou com baixo nível de intervenção antrópica (Figura 6.5-B).

Figura 6.5. Relação entre o esforço amostral para estimar 60% da riqueza de morfoespécies de minhocas e a dissimilaridade média por Sistema de Uso do Solo (SUS). Círculos maiores indicam Alta riqueza em cada SUS amostrado. Verão (A), Inverno (B).



Fonte: Elaborado pelo autor, 2017

6.4 DISCUSSÃO

Aranhas edáficas e minhocas necessitam de esforços amostrais distintos, devido a mobilidade destes. As aranhas por possuírem comportamento predatório podem percorrer maiores distâncias em busca de alimento, tornando sua distribuição mais ampla (distribuição aleatória) (BABA; TANAKA, 2016; SALVADOR et al., 2010). Neste sentido a probabilidade de captura é maior, o que explica a maior riqueza destes organismos para nosso conjunto de dados. O tipo de uso do solo afeta a riqueza e de aranhas, pela estruturação dos ecossistemas terrestres, onde locais com menor intervenção antrópica (FN, RE e PA) abrigaram maior riqueza de espécies, enquanto locais com maior nível de perturbação ecológica (PD e ILP) necessitam de maiores esforços amostrais.

Contrariamente no caso das minhocas, a mobilidade é menor quando comparada às aranhas e, portanto, a probabilidade de captura em estudos de biodiversidade e/ou monitoramento é maior. Contudo, mesmo locais como FN, RE e PA cujo manejo é reduzido ou inexistente, o esforço de amostragem é menor em comparação com as aranhas, porém, é distinto entre os SUS, seguindo a mesma tendência, cujos locais com menor nível de intervenção antrópica necessitam de mais amostras e locais com manejo mais intenso uso e manejo necessitam de menos amostras para captura deste táxon.

Tendo isso posto, ressaltamos que os mecanismos ecológicos que regem o padrão de distribuição dos diferentes táxons no solo também, sofrem interferências sazonais (BARETTA;

BROWN; CARDOSO, 2010; HADDAD et al., 2016; LIN; CAO; ZHANG, 2011) que pode ser um fator bastante importante a ser considerado, dependendo do grupo taxonômico a ser estudado. Fatores como temperatura, época de reprodução, microclima e tipo de solo, podem contribuir para os modos de distribuição dos organismos edáficos, especialmente minhocas e aranhas. Da mesma forma, a heterogeneidade ambiental dos SUS também contribuem para a dissimilaridade ou homogeneidade dos organismos táxons analisados.

6.4.1 Aranhas

6.4.1.1 Dissimilaridade e esforço amostral da comunidade de aranhas.

Contrariamente ao que hipotetizamos para aranhas, o efeito na sazonalidade não é evidente em termos de dissimilaridade das amostras. Contudo, observa-se que os maiores valores do índice de Jaccard estão mais relacionados a locais com menor nível de intervenção antrópica, nomeadamente FN e PA (Figuras 6.4A e 6.4B) possivelmente pelo fato de não ocorrer modificações na estrutura vegetal destes sistemas.

Em sistemas como ILP, RE e PD onde o manejo inclui a aplicação de agrotóxicos para controle de pragas, verificou-se maior homogeneidade de riqueza, refletindo em menor esforço de amostragem. Portanto é possível verificar que existe uma relação entre a maior dissimilaridade dos SUS e a intensificação de pontos de amostragem para coletar pelo menos 60% da riqueza de aranhas, que representa em média entre 30 a 50 pontos em FN e PA para nosso conjunto de dados (Figuras 6.2A e 6.2B).

O ponto central sobre a relação entre a dissimilaridade das comunidades de aranhas edáficas reside no fato que as modificações ambientais têm forte influência na rede trófica destes organismos, refletindo em maior ou menor riqueza de espécies de aranhas edáficas por amostra (Quadros 6.2 e 6.3). Nos locais cujo manejo é mais intenso poucas amostras são requeridas, devido a homogeneidade de riqueza existente Franco et al. (2016) demonstraram que a conversão de áreas naturais em monoculturas reduz fortemente a diversidade de organismos edáficos.

A baixa diversidade de organismos edáficos, comumente encontrada em sistemas com maior nível de intervenção antrópica, reduz a potencialidade das aranhas realizarem a predação, obrigando estes organismos a migrarem para locais onde há maior oferta de presas. Ao contrário, no, locais com menor nível de intervenção antrópica, comumente apresentam maior dissimilaridade de riqueza, aumentando desta forma, a necessidade de esforço amostral, fato

esse não observado em áreas agrícolas como PD e ILP onde poucas amostras (≤ 27) são necessárias para se captar 60% da riqueza de morfoespécies de aranhas (Figuras 6.2 e 6.3).

No presente estudo observamos que a intensificação de uso do solo favorece a homogeneidade de riqueza, da seguinte forma $PD > ILP > RE > PA > FN$ onde PD é o mais homogêneo (menor esforço amostral) e FN é o mais heterogêneo (maior esforço amostral) em termos de riqueza de espécies de aranhas e, portanto, o número de amostras necessárias deverá ser criteriosamente selecionada dentro dos padrões biogeográficos locais (HARTE et al., 2015).

Entre as regiões avaliadas também encontramos variações no número de amostras, possivelmente pelo gradiente biogeográfico das espécies de aranhas, demonstrando que as condições da paisagem como relevo, regime de chuvas, tipo de solo, fitofisionomia são importantes condicionantes para as comunidades de aranhas edáficas, por isso estes fatores necessitam ser considerados em estudos de monitoramento deste grupo taxonômico. OLIVEIRA et al., (2017); OLIVEIRA; BRESCOVIT; SANTOS, (2017) relatam que a Floresta Atlântica é segundo bioma brasileiro onde há maior concentração de espécies endêmicas de aranhas (592 espécies), no entanto pouquíssimos estudos tem se dedicado a estudar esse táxon no estado de Santa Catarina, pontualmente encontrou-se apenas os trabalhos de OTT, (2003); INDICATTI et al. (2008); POETA et al. (2010); PREUSS & LUCAS (2012), reiterando a necessidade de monitoramentos intensivos envolvendo esse grupo e sobretudo, com delineamentos experimentais adequados como o presente estudo.

A maior parte dos estudos ainda subestimam a riqueza de espécies de aranhas edáficas, devido número reduzido de amostras. Especialmente no Brasil, onde algum estudo se quer possuem um desenho experimental, sendo os indivíduos coletados aleatoriamente. Um exemplo disso é o trabalho de RAIZER et al. (2005) ao avaliarem a comunidade de aranhas no estado do Mato Grosso utilizando a técnica de guarda-chuva entomológico e coletaram 52 amostras em oito áreas distintas, além de capturar aranhas que eram encontradas aleatoriamente. Estudos como este, não são adequados para trabalhos de monitoramento da araneofauna, por não possuírem padronização em número e distribuição de amostras.

No estado do Rio Grande do Sul (Brasil), RODRIGUES et al. (2016) avaliaram a biodiversidade de aranhas quatro locais de floresta riparia com um total de 64 amostras (16 pontos por área), subestimando a riqueza de espécies de aranhas quando comparados ao nosso conjunto de dados. Já RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ; SOLÍS-CATALÁN; VALDEZ-MONDRAGÓN, (2015) ao estudarem a riqueza de aranhas em zonas urbanas no México amostraram entre quatro e seis pontos, quando comparados aos nossos resultados, esse valor de pontos amostrais apresenta-se inferior ao necessário para qualquer conclusão sobre riqueza de

aranhas. (OXBROUGH et al., 2016) ao estudarem a fauna epigeicas (incluindo aranhas) coletaram apenas 5 pontos em locais de floresta nativa, subestimando desta forma a riqueza, de aranhas encontradas.

Dentre os trabalhos envolvendo riqueza de aranhas verificamos o estudo de MARÍN et al. (2016) que avaliaram a resposta de aranhas em plantações de café e floresta nativa no México, utilizando cinco armadilhas de solo e demonstraram que a amostragem foi incompleta, ou seja, o número de pontos não foi suficiente para coletar a riqueza de aranhas existente nas áreas avaliadas. Estes mesmos autores demonstraram através de curvas de rarefação a insuficiência amostral. Vários outros estudos (KWON et al., 2014; MARLIAC et al., 2016; BUCHHOLZ, 2016; HANSON et al., 2017) também subestimaram os valores de riquezas das áreas que estudaram, devido a subamostragem ou baixo número de pontos quando comparado aos nossos resultados.

A inexistência um parâmetro (número fixo de amostras) para o número de amostras perpassa por muitas questões ecológicas e biogeográficas e por isso em estudos futuros envolvendo riqueza de aranhas, faz-se necessário uma avaliação prévia do histórico de uso. Não propomos aqui um padrão mínimo, pois isso seria desconsiderar diversos fatores que condicionam as populações, mas demonstramos que para futuros estudos em condições subtropicais o número de amostras para se coletar ao estudar aranhas, deve ser superior a maior parte dos trabalhos já publicados em periódicos científicos até o momento. Os limites máximos (> 90% da riqueza de espécies) (Quadro 1) também são demonstrados no presente estudo, no entanto são números bastante elevados, o que poderá ser bastante oneroso e termos de recursos financeiros e humanos em futuros estudos.

6.4.2 Minhocas

6.4.2.1 Dissimilaridade e esforço amostral da comunidade de minhocas

Quando analisamos a dissimilaridade nas comunidades de minhocas, é importante ressaltar as minhocas são endogeicas e seu o nicho alimentar é bastante distinto quando comparadas com aranhas. Isso pode explicar o fato da alta homogeneidade de riqueza nos locais de estudo, mesmo em sistemas com nenhuma intervenção antrópica (FN), deixando claro que o esforço amostral para minhocas é menor do que para aranhas. Embora ecologicamente minhocas e aranhas habitem o solo e/ou sua interface solo-serapilheira, nenhuma apresenta comportamento gregário.

Aliado a isso as modificações no uso do solo afetam a distribuição das comunidades de minhocas e em locais com uso mais intenso podem reduzir a riqueza e selecionar espécies oportunistas. DROUIN et al. (2016) demonstraram que os locais com maior nível de intervenção antrópica, suprimem as populações endêmicas, aumentando a densidade de espécies invasoras. Assim, fica evidente a homogeneidade da riqueza de minhocas em sistemas com manejo mais intenso. Fato esse, não observado para a região Leste do Estado de Santa Catarina, pois durante o verão apresentou alta homogeneidade de riqueza para FN, RE, PA e PD.

Um dos fatores de variação na riqueza de minhocas está relacionado a estação do ano, onde a sazonalidade está relacionada a períodos de maior umidade que é de extrema importância para esse táxon. Sendo assim, recomendamos que em termos de número de amostras necessárias para avaliação e monitoramento de minhocas, faz-se necessário avaliação em épocas contrastantes (inverno e verão). Isso ficou bastante evidente para nosso conjunto de dados e mesmo locais onde supostamente deveria apresentar maior homogeneidade de riqueza, se apresentaram mais dissimilares como PD na região Oeste durante o inverno.

Por exemplo, durante o verão na região Leste (Blumenau, Timbó e Joinville) 27 pontos amostrais foram suficientes para estimar 60% da biodiversidade de morfoespécies de minhocas (Quadros 6.2 e 6.3). Enquanto que na região sul (Lauro Muller, Siderópolis e Orleans) alguns SUS (RE e PA) apresentaram uma homogeneidade tão grande de espécies que não foi possível nem mesmo o cálculo do esforço amostral ($\text{diversidade} \leq 1$) (Quadro 6.2). Contrariamente no o inverno, um maior esforço amostral é requerido devido ao aumento da dissimilaridade das comunidades de minhocas. Desta forma, às modificações na estrutura da comunidade de acordo com a época de amostragem devem ser considerados para pesquisas envolvendo esse grupo taxonômico.

Embora amplamente conhecido o efeito da sazonalidade sobre as comunidades de minhocas, a maior parte dos trabalhos efetuam coletas utilizando o mesmo número de pontos amostrais entre as épocas (KOOCH; SAMADZADEH; HOSSEINI, 2017; ROARTY; HACKETT; SCHMIDT, 2017; SCHON et al., 2017), o que pode subestimar os resultados e por consequência não refletindo o verdadeiro *status quo* das comunidades. No presente estudo, demonstramos que os números de pontos amostrais precisam ser diferentes entre as épocas de amostragem, embora não haja uma explicação plausível para essas variações, acreditamos que condições de paisagem estejam atuando fortemente nos padrões de dissimilaridade e homogeneidade de riqueza.

Ainda, em se tratando de esforço amostral a maior parte dos trabalhos subestima em termos de números de pontos amostrais a riqueza de organismos, tal como o trabalho conduzido por BARTZ; PASINI; BROWN, (2013) ao avaliarem minhocas como indicadores de qualidade do solo em 34 fazendas no estado do Paraná. Outros autores coletaram apenas 5 pontos, número esse que é bastante inferior quando comparado ao número de amostras necessárias para captar 60% da riqueza de minhocas, e também não consideraram diferenciar o número de amostras coletadas de acordo com a época de amostragem.

Vários outros estudos envolvendo minhocas (ZHOU et al., 2011; BUCH et al., 2015; KERNECKER; WHALEN; BRADLEY, 2015; FRAGOSO et al., 2016; ROARTY; HACKETT; SCHMIDT, 2017;) subestimam a riqueza de minhocas, por coletarem entre 4 a 18 pontos nas áreas estudadas, desconsiderando o tipo de uso existente. Esses valores embora abaixo do necessário para estimar a riqueza de minhocas em FN por exemplo. Em outro estudo de monitoramento de áreas contaminadas com metais da indústria metalúrgica submetido a fitoestabilização na França conduzido por GRUMIAUX et al., (2015) foram coletadas apenas oito amostras por parcela, o que em comparação com nossos resultados apresenta-se dentro do mínimo necessário para se obter 60% da riqueza de espécies de minhocas .

Contudo alguns estudos superestimam a quantidade de amostras necessárias, tal como o trabalho de KAMAU et al. (2017) ao avaliarem a biomassa da macrofauna edáfica (incluindo minhocas) em uma zona concêntrica ao redor de árvores inseridas em áreas agrícolas, onde foram coletados 48 pontos. A superamostragem embora seja vantajosa do ponto de vista de riqueza de espécies, por atingir o limite máximo de espécies, torna-se desnecessária, aumentando e onerando financeiramente a pesquisa, demandando de mais tempo e recursos das instituições de pesquisa.

Por outro lado, o estudo de SIMMONS; DÁVALOS; BLOSSEY, (2015) ao avaliarem a riqueza de minhocas em áreas com diferentes níveis de sucessão ecológica, coletaram 54 pontos amostrais em cada área de nível sucessional distinto, o que representaria 90% da biodiversidade de minhocas em áreas de FN quando comparado aos nossos dados, demonstrando desta forma que ambientes com diferentes históricos de uso necessitam de um número variável de pontos de coleta.

No Brasil FRANCO et al. (2016) avaliaram como a estruturação da vegetação pode reduzir a riqueza da macrofauna em um gradiente de intervenção antrópica e coletaram 27 pontos, atingindo desta forma, o mínimo necessário para coletar 60% da riqueza de minhocas, corroborando assim com os nossos resultados. A otimização dos métodos de amostragem, tais como utilização conjunta de metodologias quantitativas e qualitativas deve ser criteriosamente

considerada. Aliado a isso, recomenda-se que os biomas, gradientes biogeográficos e tipos de uso também sejam obrigatoriamente incluídos nos quesitos para escolha dos locais de amostragem.

Infelizmente a ausência de estudos de esforço amostral para minhocas brasileiras ainda dificulta a compreensão de esquemas amostrais adequados, e nesta tese apontamos que uma parte dos trabalhos publicados até o presente momento, estejam subestimando a biodiversidade de minhocas. O presente trabalho traz à luz da avaliação da biodiversidade de minhocas e aranhas com uma nova perspectiva no que concerne a orientação de futuros trabalhos para que o desenho amostral e o número de pontos coletados sejam minimamente atendidos nas próximas pesquisas.

6.5 CONCLUSÕES

- A relação entre o esforço amostral e a dissimilaridade dos sistemas de uso do solo (SUS) é mais evidente em aranhas do que em minhocas.
- A sazonalidade das épocas de amostragem interfere no esforço amostral de minhocas, apontando para uma necessidade amostral diferente, dependendo da estação do ano em que o monitoramento será executado.
- Os SUS com maior intensificação de uso do solo possuem maior homogeneidade de riqueza e, portanto, requerem menor número de amostras para atingir 60% da biodiversidade de minhocas.
- Os SUS com menor intensificação de uso como floresta nativa (FN) e pastagem perene (PA) requerem maior número de amostras para captar pelo menos 60% da biodiversidade de aranhas.
- Para todas as regiões do estado de Santa Catarina, 27 pontos amostrais foram suficientes para captar 60% da riqueza de minhocas.
- Em SUS com alto nível de intervenção antrópica, nomeadamente PD e ILP em praticamente todas as regiões do estado de Santa Catarina, 27 pontos foram suficientes para captar 60% da riqueza de aranhas.

REFERÊNCIAS

ANDERSON J.M.; INGRAM, J.S.I. **Tropical soil biology and fertility: a handbook of methods**. 2nd ed. Wallingford: CAB International; 1993.

- BABA, Y. G.; TANAKA, K. Factors affecting abundance and species composition of generalist predators (Tetragnatha spiders) in agricultural ditches adjacent to rice paddy fields. **Biological Control**, v. 103, p. 147–153, 2016.
- BARETTA, D. et al. Edaphic spiders in forest trap and soil monolith sampled edaphic spiders (arachnida: araneae) in araucaria angustifolia forest aranhas (arachnida: araneae) edáficas amostradas por armadilhas e monólitos de solo em florestas com *Araucaria angustifolia*. **Sci. Agric. (Piracicaba)**, v. 64, n. 4, p. 375–383, 2007.
- BARETTA, D. et al. Potencial da macrofauna e outras variáveis edáficas como indicadores da qualidade do solo em áreas com *Araucaria angustifolia*. **Acta Zoológica Mexicana Número Especial**, v. 2, 2010.
- BARTZ, M. L. C. et al. Earthworm richness in land-use systems in Santa Catarina, Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 83, p. 59–70, 2014.
- BARTZ, M. L. C.; PASINI, A.; BROWN, G. G. Earthworms as soil quality indicators in Brazilian no-tillage systems. **Applied Soil Ecology**, v. 69, p. 39–48, 2013.
- BOTTINELLI, N. et al. Earthworms accelerate soil porosity turnover under watering conditions. **Geoderma**, v. 156, n. 1, p. 43–47, 2010.
- BUCH, A. C. et al. Characterization of soil fauna under the influence of mercury atmospheric deposition in Atlantic Forest, Rio de Janeiro, Brazil. **Journal of Environmental Sciences**, v. 32, p. 217–227, 2015.
- BUCHHOLZ, S. Natural peat bog remnants promote distinct spider assemblages and habitat specific traits. **Ecological Indicators**, v. 60, p. 774–780, 2016.
- CARDOSO, P. et al. Global Patterns of Guild Composition and Functional Diversity of Spiders. **PLoS ONE**, v. 6, n. 6, p. e21710, 29 jun. 2011.
- CHAO, A.; JOST, L. Coverage-based rarefaction and extrapolation: Standardizing samples by completeness rather than size. **Ecology**, v. 93, n. 12, p. 2533–2547, 2012.
- COTTER, M. et al. **Biodiversity and ecosystem services—A case study for the assessment of multiple species and functional diversity levels in a cultural landscape** **Ecological Indicators**. [s.l: s.n.].
- DE GOEDE, R. G. M.; BRUSSAARD, L.; AKKERMANS, A. D. L. On-farm impact of cattle slurry manure management on biological soil quality. **NJAS - Wageningen Journal of Life Sciences**, v. 51, n. 1, p. 103–133, 2003.
- DECAËNS, T. et al. The values of soil animals for conservation biology. **European Journal of Soil Biology**, v. 42, p. S23–S38, 2006.
- DECAËNS, T. et al. Potential of DNA barcoding for earthworm research in taxonomy and ecology. **Applied Soil Ecology**, v. 65, p. 35–42, 2013.
- DIRILGEN, T. et al. Mite community composition across a European transect and its relationships to variation in other components of soil biodiversity. **Applied Soil Ecology**, v. 97, p. 86–97, 2016.

DROUIN, M.; BRADLEY, R.; LAPOINTE, L. Linkage between exotic earthworms, understory vegetation and soil properties in sugar maple forests. **Forest Ecology and Management**, v. 364, p. 113–121, mar. 2016.

ELZHOV, T. V et al. Title R Interface to the Levenberg-Marquardt Nonlinear Least-Squares Algorithm Found in MINPACK, Plus Support for Bounds. 2016.

FRAGOSO, C. et al. Dominance of native earthworms in secondary tropical forests derived from slash-and-burn Mayan agricultural practices (Yucatán, Mexico). **Applied Soil Ecology**, v. 104, p. 116–124, 2016.

FRANCO, A. L. C. et al. Loss of soil (macro)fauna due to the expansion of Brazilian sugarcane acreage. **Science of The Total Environment**, v. 563, p. 160–168, 2016.

GARDI, C.; JEFFERY, S.; SALTELLI, A. An estimate of potential threats levels to soil biodiversity in EU. **Global Change Biology**, v. 19, n. 5, p. 1538–1548, 2013.

GOTELLI, N. J.; COLWELL, R. K. **Quantifying biodiversity: Procedures and pitfalls in the measurement and comparison of species richness** *Ecology Letters*, 2001.

GRAÇA, M. B. et al. Sampling effort and common species: Optimizing surveys of understory fruit-feeding butterflies in the Central Amazon. **Ecological Indicators**, v. 73, p. 181–188, 2017.

GRUMIAUX, F. et al. Earthworm populations of highly metal-contaminated soils restored by fly ash-aided phytostabilisation. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 113, p. 183–190, 2015.

HADDAD, C. R. et al. Seasonal population dynamics of a specialized termite-eating spider (Araneae: Ammoxenidae) and its prey (Isoptera: Hodotermitidae). **Pedobiologia**, v. 59, n. 3, p. 105–110, 2016.

HANSON, H. I. et al. Agricultural land use affects abundance and dispersal tendency of predatory arthropods. **Basic and Applied Ecology**, v. 18, p. 40–49, 2017.

HARTE, J. et al. Inferring Regional-Scale Species Diversity from Small-Plot Censuses. **PLOS ONE**, v. 10, n. 2, p. e0117527, 23 fev. 2015.

HUANG, J. et al. Different impacts of native and exotic earthworms on rhizodeposit carbon sequestration in a subtropical soil. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 90, p. 152–160, 2015.

INDICATTI, R. P. et al. Litter dwelling mygalomorph spiders (Araneae: Microstigmatidae, Nemesiidae) from Araucaria forests in southern Brazil, with the description of five new species. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 25, n. 3, p. 529–546, set. 2008.

KAMAU, S. et al. Soil macrofauna abundance under dominant tree species increases along a soil degradation gradient. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 112, p. 35–46, 2017.

KIM, Y.-N. et al. Interactions of native and introduced earthworms with soils and plant rhizospheres in production landscapes of New Zealand. **Applied Soil Ecology**, v. 96, p. 141–150, 2015.

KINDT, R.; VAN DAMME, P.; SIMONS, A. J. Patterns of species richness at varying scales in western Kenya: Planning for agroecosystem diversification. **Biodiversity and Conservation**, v. 15, n. 10, p. 3235–3249, 2006.

KNUDSEN, M. T. et al. Characterization factors for land use impacts on biodiversity in life cycle assessment based on direct measures of plant species richness in European farmland in the “Temperate Broadleaf and Mixed Forest” biome. **Science of The Total Environment**, 2016.

KOOCH, Y.; SAMADZADEH, B.; HOSSEINI, S. M. The effects of broad-leaved tree species on litter quality and soil properties in a plain forest stand. **CATENA**, v. 150, p. 223–229, 2017.

KWON, T.-S. et al. Prediction of abundance of forest spiders according to climate warming in South Korea. **Journal of Asia-Pacific Biodiversity**, v. 7, n. 2, p. e133–e155, 2014.

LEFEBVRE, M. et al. Agriculture , Ecosystems and Environment The impact of landscape composition on the occurrence of a canopy dwelling spider depends on orchard management. **“Agriculture, Ecosystems and Environment”**, v. 215, p. 20–29, 2016.

LEFEBVRE, M. et al. Spider predation on rosy apple aphid in conventional, organic and insecticide-free orchards and its impact on aphid populations. **Biological Control**, v. 104, p. 57–65, 2017.

LEROY, B.; LE VIOL, I.; PÉTILLON, J. Complementarity of rarity, specialisation and functional diversity metrics to assess community responses to environmental changes, using an example of spider communities in salt marshes. **Ecological Indicators**, v. 46, p. 351–357, 2014.

LIN, H.; CAO, M.; ZHANG, Y. Self-organization of tropical seasonal rain forest in southwest China. **Ecological Modelling**, v. 222, n. 15, p. 2812–2816, 2011.

LUBBERS, I. M.; PULLEMAN, M. M.; VAN GROENIGEN, J. W. Can earthworms simultaneously enhance decomposition and stabilization of plant residue carbon? **Soil Biology and Biochemistry**, v. 105, p. 12–24, 2017.

MARC, P.; CANARD, A.; YSNEL, F. Spiders (Araneae) useful for pest limitation and bioindication. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 74, p. 229–273, 1999.

MARÍN, L. et al. Response of ground spiders to local and landscape factors in a Mexican coffee landscape. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 222, p. 80–92, 2016.

MARLIAC, G. et al. Agriculture , Ecosystems and Environment Management diversity within organic production in fl uences epigeal spider communities in apple orchards. **“Agriculture, Ecosystems and Environment”**, v. 216, p. 73–81, 2016.

- MUELLER, K. E. et al. Light, earthworms, and soil resources as predictors of diversity of 10 soil invertebrate groups across monocultures of 14 tree species. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 92, p. 184–198, 2016.
- OLIVEIRA, U.; BRESCOVIT, A. D.; SANTOS, A. J. Sampling effort and species richness assessment: a case study on Brazilian spiders. **Biodiversity and Conservation**, p. 1–13, 9 fev. 2017.
- OKSANEN, J. et al. vegan: Community Ecology Package. **R Package Version 2.0-10**. <http://CRAN.R-project.org/package=vegan> 2013.
- OTT, R. Descrição De Duas Espécies Novas De Opopaea Do Sul Do Brasil (Oonopidae, Araneae). **Iheringia. Série Zoologia**, v. 93, n. 30, p. 177–182, 2003.
- OXBROUGH, A. et al. Can mixed stands of native and non-native tree species enhance diversity of epigeaic arthropods in plantation forests?. **Forest Ecology and Management**, v.367, p.21-29, 2016.
- PANSU, J. et al. Landscape-scale distribution patterns of earthworms inferred from soil DNA. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 83, p. 100–105, 2015.
- PIRON, D. et al. Indicators of earthworm bioturbation to improve visual assessment of soil structure. **Soil and Tillage Research**, 2016.
- POETA, M. R. M.; MARQUES, M. A. L.; BUCKUP, E. H. Sobre algumas espécies do gênero Eustala (Araneae, Araneidae) do Brasil. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 100, n. 3, p. 267–274, set. 2010.
- POMPEO, P. N. et al. Fauna e sua relação com atributos edáficos em Lages, Santa Catarina – Brasil Fauna and its relation to edaphic attributes in Lages, Santa Catarina – Brazil. **Scientia Agraria**, v.17, p. 42–51, 2016.
- POSTMA-BLAAUW, M. B. et al. Agricultural intensification and de-intensification differentially affect taxonomic diversity of predatory mites, earthworms, enchytraeids, nematodes and bacteria. **Applied Soil Ecology**, v. 57, p. 39–49, 2012.
- PREUSS, J. F.; LUCAS, E. M. Diversidade de aranhas (Arachnida, Araneae) em um fragmento de floresta estacional decidual, extremo oeste de Santa Catarina, Brasil. **Unoesc & Ciência**, v. 3, n. 1, p. 37–46, 2012.
- PRIETO-BENÍTEZ, S.; MÉNDEZ, M. Effects of land management on the abundance and richness of spiders (Araneae): A meta-analysis. **Biological Conservation**, v. 144, p. 683–691, 2011.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. [2.12.2]. Viena: **R Foundation for Statistical Computing**, 2016.
- RAIZER, J. et al. Comunidade de aranhas (Arachnida, Araneae) do pantanal norte (Mato Grosso, Brasil) e sua similaridade com a araneofauna amazônica. **Biota Neotropica**, v. 5, n. 1a, p. 125–140, 2005.

REIS, F. et al. The use of a functional approach as surrogate of Collembola species richness in European perennial crops and forests. **Ecological Indicators**, v. 61, n. NOVEMBER, p. 676–682, 2016.

RICKERT, C. et al. \hat{H}^{\pm} - and \hat{H}^2 -diversity in moth communities in salt marshes is driven by grazing management. **Biological Conservation**, v. 146, p. 24–31, 2012.

ROARTY, S.; HACKETT, R. A.; SCHMIDT, O. Earthworm populations in twelve cover crop and weed management combinations. **Applied Soil Ecology**, v. 114, p. 142–151, 2017.

RODRIGUES, E. N. L. et al. Spider species composition in the tree-shrub strata of riparian forests and its microhabitats in southern Brazil. **Zoologia (Curitiba)**, v. 33, n. 3, 2016.

RODRÍGUEZ-RODRÍGUEZ, S. E.; SOLÍS-CATALÁN, K. P.; VALDEZ-MONDRAGÓN, A. Diversity and seasonal abundance of anthropogenic spiders (Arachnida: Araneae) in different urban zones of the city of Chilpancingo, Guerrero, Mexico. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 86, n. 4, p. 962–971, 2015.

RÖMBKE, J. et al. Soil biodiversity data: Actual and potential use in European and national legislation. **Applied Soil Ecology**, v. 97, p. 125–133, 2016.

ROSA, M. G. DA et al. Macrofauna edáfica e atributos físicos e químicos em sistemas de uso do solo no planalto catarinense. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 39, n. 6, p. 1544–1553, 2015.

SALVADOR, A. et al. Efeitos da variação temporal na estrutura da serrapilheira sobre a abundância de aranhas (Arachnida: Araneae) num fragmento de Mata Effects of temporal variation in the structure of leaf litter on the abundance of spiders (Arachnida: Araneae) in an Atlantic Forest fragment (Salvador, Bahia). **Revista Biociências**, v. 16, n. 1, 2010.

SANTA CATARINA. Gabinete de planejamento e coordenação geral. subchefia de estatística, geografia e informática. **Atlas de Santa Catarina**. Rio de Janeiro: Aerofoto Cruzeiro, 1986

SCHON, N. L. et al. Influence of earthworm abundance and diversity on soil structure and the implications for soil services throughout the season. **Pedobiologia**, v. 62, p. 41–47, 2017.

SHIU, H.-J.; LEE, P.-F. Assessing Avian Point-count Duration and Sample Size Using Species Accumulation Functions. **Zoological Studies**, v. 42, n. 2, p. 357–367, 2003.

SILVANO, A. L. et al. Selecting focal species as surrogates for imperiled species using relative sensitivities derived from occupancy analysis. **Ecological Indicators**, v. 73, p. 302–311, 2017.

SIMMONS, W.; DÁVALOS, A.; BLOSSEY, B. Forest successional history and earthworm legacy affect earthworm survival and performance. **Pedobiologia**, v. 58, n. 4, p. 153–164, 2015.

SOUZA, S. T. DE et al. Abundance and Diversity of Soil Macrofauna in Native Forest, Eucalyptus Plantations, Perennial Pasture, Integrated Crop-Livestock, and No-Tillage Cropping. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 40, p. 1–14, 2016.

TAO, H.-H. et al. Effects of soil management practices on soil fauna feeding activity in an Indonesian oil palm plantation. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 218, p. 133–140, 2016.

UGLAND, K. I.; GRAY, J. S.; ELLINGSEN, K. E. The species-accumulation curve and estimation of species richness. **Journal of Animal Ecology**, v. 72, n. 5, p. 888–897, 2003.

VAN GROENIGEN, J. W. et al. Earthworms increase plant production: a meta-analysis. **Scientific Reports**, v. 4, p. 6365, 15 set. 2014.

WICKHAM, H. Reshaping Data with the **reshape** Package. **Journal of Statistical Software**, v. 21, n. 12, p. 1–20, 13 nov. 2007.

YVAN, C. et al. Role of earthworms in regenerating soil structure after compaction in reduced tillage systems. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 55, p. 93–103, 2012.

ZHANG, W. et al. Effect of earthworms and arbuscular mycorrhizal fungi on the microbial community and maize growth under salt stress. **Applied Soil Ecology**, v. 107, p. 214–223, 2016.

ZHOU, S. et al. Individual and combined toxic effects of cypermethrin and chlorpyrifos on earthworm. **Journal of Environmental Sciences**, v. 23, n. 4, p. 676–680, 2011.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A utilização dos marcadores moleculares, especialmente o gene mitocondrial Citocromo Oxidase subunidade I (COI) pode ser efetivo para alguns táxons, no entanto o banco de dados do BOLD para Oligochaetas terrestres da América do Sul não se mostra atualizado para que se possa ter confiança nos resultados do sequenciamento deste gene. Para nosso conjunto de dados, somente o COI parece não ter sido suficientemente efetivo para nível de espécie, assim, sugerimos que haja a combinação de outros marcadores moleculares de origem nuclear para aumentar a acurácia das análises. Além disso, as metodologias clássicas através da identificação de caracteres morfológicos ainda é necessária para um bom nível de confiança nos resultados de identificação de espécies de minhocas.

Em se tratando de aranhas, as condições de uso e manejo do solo como parâmetros físicos e químicos nas regiões Oeste e Planalto são fatores preponderantes para o padrão de distribuição de famílias de aranhas nos Sistemas de Uso do Solo (SUS) estudados. Por outro lado, nas regiões Sul e Leste catarinense os parâmetros físicos e químicos não apresentam correlação direta com as famílias de aranhas. Desta forma, acredita-se que o tipo de solo e alterações de clima e modificação nas fitofisionomias são fatores mais importantes. Aliado a isso, pode-se verificar que o nível de intervenção antrópica influencia em diferentes escalas as famílias de aranhas edáficas, independente da região do Estado de Santa Catarina.

Foi possível verificar que para as condições de solo e clima de Santa Catarina a combinação de duas metodologias de coleta de aranhas são recomendadas nos programas monitoramento e levantamento da araneofauna edáfica. As coletas utilizando conjuntamente as metodologias de monólitos (TSBF) e armadilhas do solo (*Pitfall traps*) aumentam consideravelmente o número de espécies de aranhas edáficas coletadas e se mostram mais efetivas do que quando utilizada separadamente.

Demonstramos que tanto para aranhas quanto para minhocas há uma necessidade distinta de número de amostras necessárias para se coletar uma porcentagem mínima (60%) da riqueza destes grupos taxonômicos. As populações de aranhas necessitam de um número consideravelmente maior de pontos de amostragem quando comparado com as minhocas. Isso se deve as condições de mobilidade dos grupos que são completamente distintos, podendo para estudos futuros, serem considerados indicadores da biodiversidade.

Sugere-se para trabalhos visando avaliação da riqueza de minhocas sejam coletadas no mínimo 27 amostras e para avaliação da riqueza de aranhas no mínimo 50 amostras (de cada método), independente do Sistema de Uso do Solo no estado de Santa Catarina.

ANEXOS

Anexo 1– Descrição detalhada das condições de uso e manejo para floresta nativa (FN), pastagem perene (PA), reflorestamento de eucalipto (RE), plantio direto (PD) e Integração Lavoura-pecuária (ILP) nas diferentes regiões de amostragem no Estado de Santa Catarina.

Região/Município/Solo	Sistema de Uso do Solo	Tempo de uso da área, extensão (hectare)	Descrição da área de estudo
Lages <i>Nitossolo Bruno</i>	FN	100ha	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	100 ha	Pastagem nativa. Pisoteio animais de produção zootécnica.
	RE	7 anos/29 ha	Plantio de eucalipto (<i>Eucalyptus</i> sp.). Anteriormente era utilizado como área de pastagem.
	PD	7 anos/ 7 ha	No verão plantio de soja (<i>Glycine</i> sp.) e inverno de azevém (<i>Lolium multiflorum</i>) e aveia (<i>Avena</i> sp.).
	ILP	10 anos/ 10 ha	No verão plantio de soja e inverno de azevém e aveia.
Campo Belo do Sul <i>Nitossolo Bruno</i>	FN	5 ha	Fragmento de Floresta Atlântica. Com entrada de animais.
	PA	30 ha	Pastagem nativa. Pisoteio de 0,4 animais por ha.
	RE	20 anos/ 1,2 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente era Campo Nativo.
	PD	11 anos/ 55 ha	No verão plantio de soja, no inverno com trigo em 2010 e pousio em 2011.
	ILP	25 anos/ 25 ha	No verão plantio de soja, inverno com pastagem em 2010 e trigo em 2011, lotação de 2 animais por ha.
Otacílio Costa <i>Cambissolo Húmico</i>	FN	3 ha	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	10 ha	Pastagem nativa. Pisoteio de animais de produção zootécnica.
	RE	21 anos/ 2,4 ha	Plantio de eucalipto.
	PD	10 anos/ 80 ha	No verão plantio de soja 2011 e milho em 2012, no inverno a área fica em pousio.
	ILP	11 anos/ 22 ha	No verão plantio de soja e no inverno aveia e azevém.

Xanxerê <i>Latossolo Vermelho</i>	FN	9 ha	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	12 anos/ 60 ha	Resultado da derrubada de Floresta Atlântica. Atualmente é aplicado dejetos suíno.
	RE	4 anos/ 4 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente era Campo Nativo.
	PD	18 anos/ 50 ha	Verão com plantio de soja em 2010 e milho em 2011, e inverno com aveia em 2010 e trigo (<i>Triticum</i> sp.) em 2011.
	ILP	8 anos/ 50 ha	No verão cultivo mínimo de soja e milho e no inverno com aveia e azevém.
Chapecó <i>Latossolo Vermelho</i>	FN	2ha	-
	PA	50 anos/ 3 ha	Pastagem nativa. Pisoteio de animais de produção zootécnica.
	RE	15 anos/ 43 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente lavoura.
	PD	10 anos/ 9,6 ha	No verão plantio de soja e no inverno de trigo.
	ILP	10 anos/ 30 ha	No verão plantio direto de soja e milho; no inverno com aveia e azevém. Lotação de 3 animais por ha.
São Miguel do Oeste <i>Latossolo Vermelho</i>	FN	3 ha	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	50 anos/ 2 ha	Pastagem perene.
	RE	7 anos/ 2 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente era campo nativo.
	PD	4 anos/ 4 ha	No verão plantio de milho e no inverno pousio (2010 e 2011).
	ILP	18 anos/ 3 ha	No verão plantio de soja e milho, no inverno com aveia e azevém.
Blumenau <i>Argissolo Vermelho Amarelo</i>	FN	Sempre	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	2 ha	Pastagem. Entrada de animais de produção zootécnica.
	RE	3 anos/ 1ha	Plantio de eucalipto entrada de 2 cabeças de gado
	PD	20 anos	Verão: milho; Inverno: milho safrinha.
	ILP	20 anos	Verão: milho; Inverno: azevém. Entrada de 25 cabeças de gado.
Joinville <i>Gleissolo Háptico</i>	FN	100 ha	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	2 ha	Pastagem nativa. Entrada de 30 cabeças de gado

	RE	3 anos/1 ha	Plantio de eucalipto. Entrada de animais
	PD	8 anos/ 7,5 ha	Verão: milho; Inverno: azevém.
	ILP	50 anos/1 ha	Verão: milho; Inverno: Pastagem. Entrada de 30 cabeças de gado
Timbó <i>Cambissolo Háptico</i>	FN	10 ha	Fragmento de Floresta Atlântica.
	PA	100 anos/3 ha	Pastagem nativa.
	RE	7 anos/1,5 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente era plantação de mandioca
	PD	5 anos/ 1ha	Verão: milho; Inverno: pousio
	ILP	15 anos/1 ha	Verão: milho; Inverno: aveia e azevém. Entrada de 20 cabeças de gado.
Orleans <i>Argissolo Vermelho Amarelo</i>	FN	2 anos/4 ha	Verão: fumo; Inverno: feijão. Entrada de 40 cabeças de gado.
	PA	80 anos/4 ha	Pastagem Nativa. Entrada de 15 cabeças de gado.
	RE	12 anos/1,5 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente mata nativa.
	PD	3 anos/2 ha	Verão: milho; Inverno: feijão.
	ILP	2 anos/4 ha	Verão: fumo; Inverno: feijão. Entrada de 40 cabeças de gado.
Lauro Müller <i>Argissolo Vermelho Amarelo</i>	FN	4 ha	Fragmento de Floresta Atlântica. Entrada de 5 animais.
	PA	3 ha	Pastagem Nativa. Entrada de 8 cabeças de gado.
	RE	20 anos/2 ha	Plantio de eucalipto. Anteriormente era pastagem.
	PD	3 anos/1 ha	Verão: milho; Inverno: aveia. Entrada de 30 cabeças de gado.
	ILP	3 anos/2 ha	Verão: milho; Inverno: aveia e azevém. Entrada de 30 cabeças de gado.
Siderópolis <i>Argissolo Vermelho Amarelo</i>	FN	Sempre/11 ha	Floresta Atlântica
	PA	30 anos/6 ha	Pastagem mista: jesuíta e manteiga. Entrada de 20 cabeças de gado
	RE	2 anos/9 ha	Anteriormente: plantação de milho. Entrada de 4 cabeças de gado.
	PD	3 anos/11 ha	Verão: milho, batata. Inverno: aveia
	ILP	2 anos/4 ha	Verão: milho; Inverno: aveia e azevém. Entrada de cabeças de gado.

Fonte: Elaborado pelo autor, 2017