



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

THALLINE RAFHAELLA LEITE CORDEIRO

**DIVERSIDADE DE MUCOROMYCOTA NO SOLO DE GRADIENTES DE
ALTITUDE EM BREJOS DO SEMIÁRIDO DE PERNAMBUCO**

**RECIFE
2023**



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

THALLINE RAFHAELLA LEITE CORDEIRO

**DIVERSIDADE DE MUCOROMYCOTA NO SOLO DE GRADIENTES DE
ALTITUDE EM BREJOS DO SEMIÁRIDO DE PERNAMBUCO**

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

Área de Concentração: Micologia Básica.

Discente: Thalline Rafaela Leite Cordeiro.

Orientador: Dr. André Luiz Cabral Monteiro de Azevedo Santiago.

Coorientador: Dr. Diogo Xavier Lima.

**RECIFE
2023**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) de acordo com ISBD

Cordeiro, Thalline Rafaella Leite

Diversidade de mucoromycota no solo de gradientes de altitudes em brejos do semiárido de Pernambuco/ Thalline Rafaella Leite Cordeiro– 2023.

126 f. : il., fig., tab.

Orientador: André Luiz Cabral Monteiro de Azevedo Santiago

Coorientador: Diogo Xavier Lima

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Pernambuco. Centro de Biociências. Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Recife, 2023.

Inclui referências e apêndices.

1. Fungos do solo 2. Taxonomia 3. Pernambuco I. Santiago, André Luiz Cabral de Azevedo (orient.) II. Lima, Diogo Xavier (coorient.) III. Título

579.5

CDD (22.ed.)

UFPE/CB – 2023 -191

THALLINE RAFHAELLA LEITE CORDEIRO

**DIVERSIDADE DE MUCOROMYCOTA NO SOLO DE GRADIENTES DE
ALTITUDE EM BREJOS DO SEMIÁRIDO DE PERNAMBUCO**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação
em Biologia de Fungos da Universidade
Federal de Pernambuco, como requisito
parcial para a obtenção do título de doutora
em Biologia de Fungos.

Aprovada em: 27/02/2023

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. André Luiz Cabral Monteiro de Azevedo Santiago (Orientador)
Universidade Federal de Pernambuco

Dra. Angelina de Meiras Ottoni (Examinadora Externa)
Universidade Federal de Pernambuco

Dra. Luciana Melo Sartori Gurgel (Examinadora Externa)
Instituto Agrônômico de Pernambuco

Dr. Diogo Paes da Costa (Examinador Externo)
Universidade Federal do Agreste de Pernambuco

Dr. Carlos Alberto Fragoso de Souza (Examinador Externo)
Universidade Federal do Agreste de Pernambuco

AGRADECIMENTOS

A Deus, por toda força para superar as intercorrências da vida.

A minha mãe, Cleomar Leite, por sempre me incentivar e ser um exemplo de mulher.

Obrigada por tudo.

A minha sobrinha, Valentina Leite, o melhor presente que Deus poderia ter me dado.

Aos meus pontos de equilíbrio, Daiane, Briene e Hermione, os seres mais amorosos do mundo.

Aos meus irmãos, Thiago Vinicius e Thallita Rachel, por todo apoio e amor.

A minha madrinha, Cleozimar Leite, por todo incentivo educacional.

Ao orientador, prof. André Luiz Cabral Monteiro de Azevedo Santiago, pelos ensinamentos que me permitiram crescer como profissional e como pessoa.

Ao meu coorientador, Diogo Xavier e ao amigo, Carlos Frágoso, por todo o conhecimento transmitido e pela amizade.

Aos amigos de laboratório e do departamento de micologia: Rafael Vilela, Mateus Cruz, Catarina Leticia, Robervânia Soares, Joana Lundgren, Suzana Brito, Maria Alice, Maria Carolina, Leslie Warren, Elaine Muniz, Rejane Silva, Mayara Alice, Deborah Lima e Ana Lúcia. Agradeço-lhes a amizade e parceria.

Ao Diogo Paes, pela disponibilidade e auxílio com as análises ecológicas desse trabalho.

Ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), pela parceria para a realização das coletas e análises do solo, especialmente ao Waldemar Melo e à Luciana Gurgel.

À coordenação, aos professores e a todos os funcionários do Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio financeiro que possibilitou a realização deste trabalho.

À Universidade Federal de Pernambuco, por todo suporte para realização desse trabalho.

RESUMO

Os fungos do filo Mucoromycota são sapróbios, com algumas espécies endófitas, simbiotes e parasitas de animais, fungos e plantas. Fungos desse filo produzem um esporo sexuado, o zigosporo, enquanto a reprodução assexuada ocorre pela produção de esporangiosporos, merosporos e esporangíolos. No Brasil, espécies de Mucoromycota têm sido isoladas nos domínios Caatinga, Mata Atlântica e Cerrado. No entanto, são raros os estudos ecológicos sobre esses fungos em brejos de altitude do semiárido de Pernambuco, que são áreas de exceção, dentro do semiárido, por exibirem características fitofisionômicas diferentes das da Caatinga. Considerando as hipóteses de que elevada diversidade e riqueza de fungos são esperadas em ecossistema tropicais e que a altitude e os diferentes atributos do solo podem influenciar na estruturação das comunidades de fungos nesse substrato, esse trabalho teve como objetivo geral conhecer como comunidades de Mucoromycota são estruturadas no solo de diferentes gradientes altitudinais, avaliando de que forma a altitude, os atributos químicos do solo e a pluviosidade influenciam na estruturação dessas comunidades nos brejos de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo e no brejo de Taquaritinga do Norte. Foram realizadas seis expedições para coleta de solo em três diferentes gradientes altitudinais nesses brejos. Para o isolamento, cinco miligramas de solo foram espalhados sobre o meio de cultura ágar gérmem de trigo, adicionado de cloranfenicol, contido em placas de Petri, em triplicata. Foram isoladas 54 espécies e seis variedades de Mucoromycota do solo da RPPN Reserva Natural Brejo, incluindo nove espécies novas, sendo *Mucor jansseni* a espécie que apresentou maior número de UFC, frequência de ocorrência e abundância relativa para essa área de estudo. Do solo do brejo de Taquaritinga do Norte foram isoladas 32 espécies e quatro variedades de Mucoromycota, incluindo uma nova espécie, sendo *Absidia pernambucoensis* a espécie com maior número de UFC, bem como a espécie mais frequente e abundante nessa área. Embora a diversidade e a riqueza de Mucoromycota tenham sido elevadas no solo dos brejos de altitude supracitados, a altitude não influenciou na riqueza, equitabilidade e diversidade de fungos mucoraleanos em ambos os brejos, ainda que a mesma tenha influenciado na composição de espécies desses fungos nesses brejos. A precipitação pluviométrica influenciou na composição das comunidades de Mucoromycota em ambos os brejos. Dentro de um mesmo brejo, a influência dos atributos do solo nas comunidades dos Mucoromycota variou de acordo com a altitude, ou seja, as variáveis do solo que exerceram maior influência na comunidade, em uma determinada altitude, não foram as mesmas a influenciarem a comunidade desses fungos em outros gradientes

altitudinais. Os resultados apontaram que o grau de influência de determinado atributo do solo nas comunidades de Mucoromycota varia de acordo com cada espécie de fungo.

Palavras-Chave: Mucorales; Mucoromycotina; ecologia; solo; taxonomia.

ABSTRACT

The fungi of the phylum Mucoromycota are saprobic with some endophytic species, symbionts and parasites of animals, fungi, and plants. Fungi of this phylum produce a sexual spore, the zygospore, while asexual reproduction occurs by the production of sporangiospores, merospores, and sporangioles. In Brazil, species of Mucoromycota have been isolated in the Caatinga, Atlantic Forest, and Cerrado domains. However, ecological studies on these fungi in highland swamps in the semi-arid region of Pernambuco are rare, which are exceptional areas within the semi-arid region, because they exhibit different phytophysiognomic characteristics from those ones of the Caatinga. Taking into account the hypotheses that high fungal diversity and richness are expected in tropical ecosystems, and that altitude and different soil attributes can influence the structure of fungal communities in this substrate, this work had the general objective of knowing how Mucoromycota communities are structured in the soil of different altitudinal gradients, evaluating how altitude, soil chemical attributes, and rainfall influence the structuring of these communities in the high altitude marshes of the RPPN Brejo Natural Reserve and in the Taquaritinga do Norte marsh. Six expeditions were carried out to collect soil in three different altitudinal gradients in these swamps. For the isolation, five milligrams of soil were spread over in the midst of the wheat germ agar culture, with the addition of chloramphenicol, contained in Petri dishes, in triplicate. Fifty-four species and six varieties of Mucoromycota were isolated from the soil of the RPPN Reserva Natural Brejo, including nine new species, with *Mucor jansseni* being the species that presented the highest number of CFU, frequency of occurrence, and relative abundance for this study area. From the soil of the Taquaritinga do Norte swamp, 32 species and four varieties of Mucoromycota were isolated, including a new species, with *Absidia pernambucoensis* being the species with the highest number of CFU as well as the most frequent and abundant species in this area. Although the diversity and richness of Mucoromycota were high in the soil of the aforementioned highland swamps, altitude did not influence the richness, evenness, and diversity of mucoralean fungi in both swamps, although it did influence the species composition of these fungi in these wetlands swamps. Rainfall influenced the composition of Mucoromycota communities in both marshes. Within the same swamp, the influence of soil attributes on Mucoromycota communities varied according to the altitude, that is to say, the soil variables that exerted the greatest influence on the community, at a given altitude, were not the same ones that influenced the community of these fungi in a other altitudinal gradients. The results showed that the degree of influence of a given soil attribute on Mucoromycota communities varies according to each fungus species.

Keywords: Mucorales; Mucoromycotina; ecology; soil; taxonomy.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 –	Localização do Município de Saloá, Pernambuco.....	50
Figura 2 –	Localização do Município de Taquaritinga do Norte, Pernambuco, Brasil.....	52
Figura 3 –	Estrutura das comunidades de Mucoromycota (β -diversidade) em solos amostrados em três gradientes de altitude do brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.....	63
Figura 4 –	Associações monotônicas entre a ocorrência de espécies de Mucoromycota e as variáveis químicas da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.....	64
Figura 5 –	Associações monotônicas entre ocorrência de espécies de fungos e variáveis físico-químicas do solo do brejo de altitude da Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.....	64
Figura 6 –	Composição relativa das espécies de Mucoromycota mais abundantes em gradientes de altitude na área de brejo situada na RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.....	65
Figura 7 –	Dispersão dos índices de α -diversidade para comunidades de Mucoromycota em diferentes gradientes de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE. 800m (ALT1), 900m (ALT2) e 1000m (ALT3). (A) número de espécies; (B) Índice de diversidade de Shannon-Wiener; (C) índice de diversidade de Simpson; (C) índice de equabilidade de Pielous. De acordo com análise dos pressupostos, em todos os casos, os dados foram considerados normais e as variâncias foram homogêneas pelos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett, respectivamente, ambos ao nível de 5% de significância ($p = 0.05$). De acordo com o teste F, as médias não diferiram ($p = 0.05$).....	68
Figura 8 –	Riquezas observadas e extrapolações para espécies fúngicas encontradas em diferentes expedições (coletas) dentro de cada nível gradiente de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá-PE. ALT = altitude. Linhas contínuas representam a curva ajustada e a pontilhada indica a extrapolação da riqueza para o caso em que o número de indivíduos coletados supera o observado.....	69
Figura 9 –	Estrutura das comunidades de Mucoromycota (β -diversidade) em solos amostrados em três gradientes de altitude do brejo de altitude Taquaritinga do Norte - PE.....	71
Figura 10 –	Associações monotônicas entre a ocorrência de espécies de Mucoromycota e as variáveis químicas do solo, no brejo de altitude Taquaritinga do Norte - PE.....	73

Figura 11 –	Associações monotônicas entre ocorrência de espécies de fungos e variáveis físico-químicas do solo do brejo de altitude Taquaritinga do Norte - PE.....	73
Figura 12 –	Composição relativa das espécies fúngicas mais frequentes em três gradientes de altitude no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte - PE.....	74
Figura 13 –	Dispersão dos índices de α -diversidade para comunidades Mucoromycota em diferentes gradientes de altitude do brejo de altitude Taquaritinga do Norte-PE. 800m (ALT1), 900m (ALT2) e 1000m (ALT3). (A) número de espécies; (B) Índice de diversidade de Shannon-Wiener; (C) índice de diversidade de Simpson; (C) índice de equabilidade de Pielous. De acordo com análise dos pressupostos, em todos os casos, os resíduos foram considerados normais e as variâncias foram homogêneas pelos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett, respectivamente, ambos ao nível de 5% de significância ($p = 0.05$). De acordo com o teste F, as médias não diferiram ($p = 0.05$).....	76
Figura 14 –	Riquezas observadas e extrapolações para espécies fúngicas encontradas em diferentes expedições (coletas) dentro de cada nível gradiente de altitude do brejo de altitude Taquaritinga do Norte-PE. (A)ALT.1; (B) ALT.2; (C) ALT.3. Linhas contínuas representam a curva ajustada e a pontilhada indica a extrapolação da riqueza para o caso em que o número de indivíduos coletados supera o observado.....	77

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 –	Variáveis do solo coletado em três gradientes de altitude, no brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, Saloá, Pernambuco. ALT 1: altitude 1; ALT 2: altitude 2; ALT 3: altitude 3; 1–5: pontos de coleta das amostras.....	52
Tabela 2 –	Variáveis do solo coletado em três gradientes de altitude, no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte, Taquaritinga do Norte, Pernambuco. ALT 1: altitude 1; ALT 2: altitude 2; ALT 3: altitude 3; 1–5: pontos de coleta das amostras.....	53
Tabela 3 –	Temperatura do solo por coleta, amostra e altitude no brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, Saloá, Pernambuco.....	53
Tabela 4 –	Temperatura do solo por coleta, amostra e altitude no brejo de altitude de Taquaritinga, Taquaritinga do Norte, Pernambuco.....	54
Tabela 5 –	Número de unidades formadoras de colônia de Mucoromycota por grama de solo (UFC.g ⁻¹) no brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no Município de Saloá, PE.....	60
Tabela 6 –	Abundância relativa das espécies de Mucoromycota no solo do brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, Saloá - PE.....	66
Tabela 7 –	Número de unidades formadoras de colônia de Mucoromycota por grama de solo (UFC.g ⁻¹) no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte - PE.....	70
Tabela 8 –	Abundância relativa das espécies de Mucoromycota no solo do brejo de altitude de Taquaritinga do Norte - PE.....	75

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

%	Porcentagem
°C	Centígrados
µL	Microlitro
µm	Micrômetro
AAGUA	<i>Absidia aguabelensis</i>
ACAAT	<i>Absidia caatingaensis</i>
ACORN	<i>Absidia cornuta</i>
ACYLI	<i>Absidia cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i>
AEM	Agar Extrato de Malte
Al	Alumínio
AMULT	<i>Absidia multispora</i>
APARA	<i>Absidia pararepens</i>
APERN	<i>Absidia pernambucoensis</i>
AREPE	<i>Absidia repens</i>
ASALO	<i>Absidia saloaensis</i>
ASP257	<i>Absidia</i> sp. 257
ASP347	<i>Absidia</i> sp. 347
ASP594	<i>Absidia</i> sp. 594
B1086	<i>Backusella</i> sp. 1086
BAZYG	<i>Backusella azygospora</i>
BBRASP1016	<i>Backusella brasiliensis</i>
BCONS	<i>Backusella constricta</i>
BDA	Batata Dextrose Agar
BLAMP	<i>Backusella lamprospora</i>
BLOCU	<i>Backusella locustae</i>
BPERSP1	<i>Backusella pernambucensis</i>
BSP478	<i>Backusella</i> sp. 478
BSP707	<i>Backusella</i> sp. 707
BSP817	<i>Backusella</i> sp. 817
BSP82	<i>Backusella</i> sp. 82
Ca	Cálcio

CBERT	<i>Cunninghamella bertholletiae</i>
CCLAV	<i>Cunninghamella clavata</i>
CEANT	<i>Cunninghamella echinulata</i> var. <i>antarctica</i>
CEECH	<i>Cunninghamella echinulata</i> var. <i>echinulata</i>
CEVER	<i>Cunninghamella echinulata</i> var. <i>verticillata</i>
CGIGA	<i>Cunninghamella gigacellularis</i>
CIRMUS	<i>Circinella muscae</i>
cm	Centímetros
CTC	Capacidade de troca catiônica
Diâm.	Diâmetro
DNA	Ácido desoxirribonucleico
g	Grama
GBRAS	<i>Gongronella brasiliensis</i>
GBULT	<i>Gongronella butleri</i>
GPEDRA	<i>Gongronella pedratalhadensis</i>
H	Hidrogênio
IPA	Instituto Agronômico de Pernambuco
ITS	Internal Transcribed Spacer
K	Potássio
km	Quilômetro
LBRAS	<i>Lichtheimia brasiliensis</i>
LCORY	<i>Lichtheimia corymbifera</i>
LHYAL	<i>Lichtheimia hyalospora</i>
LRAMOS	<i>Lichtheimia ramosa</i>
LSU	Large subunit
m	Molar (mol)
m%	Saturação por alumínio
MCAAT	<i>Mucor caatinguensis</i>
MCIRC	<i>Mucor circinatus</i>
MCIRCINE	<i>Mucor circinelloides</i>
Mg	Magnésio
mg	Miligrama
mg.L	Miligrama por litro

MINDI	<i>Mucor indicus</i>
MIRRE	<i>Mucor irregularis</i>
MJANS	<i>Mucor jansseni</i>
mL	Mililitro
MLUSIT	<i>Mucor lusitanicus</i>
mm	Milímetros
MMERD	<i>Mucor merdicola</i>
MMINU	<i>Mucor minutus</i>
MMOUS	<i>Mucor mousanensis</i>
MPERN	<i>Mucor pernambucoensis</i>
MPESEUDC	<i>Mucor pseudocircinelloides</i>
MPESEUDOL	<i>Mucor pseudolusitanicus</i>
MRAMOS	<i>Mucor ramosissimus</i>
MSEPT	<i>Mucor septatum</i>
MSOUZ	<i>Mucor souzae</i>
MSUBT	<i>Mucor subtilestissimus</i>
MVARIIC	<i>Mucor variicolumellatus</i>
Na	Sódio
P	Fósforo
pH	Potencial hidrogeniônico
RAVAR	<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i>
RAVDEL	<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>delemar</i>
rDNA	DNA ribossômico
RMICRO	<i>Rhizopus microsporus</i>
RSTOL	<i>Rhizopus stolonifer</i>
SB	Soma de bases
UFC	Unidade Formadora de Colônia
UISAB	<i>Umbelopsis isabellina</i>
V%	Saturação por bases

LISTA DE SÍMBOLOS

α	Alfa
β	Beta
ρ	Rho

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	18
2	OBJETIVOS.....	20
2.1	OBJETIVO GERAL.....	20
2.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	20
3	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	21
3.1	FUNGOS ZIGOSPÓRICOS: DO FILO ZYGOMYCOTA AO SUB-REINO MUCOROMYCETA.....	21
3.2	MUCOROMYCOTA DOWELD.....	22
3.3	MUCORALES FR.....	24
3.3.1	<i>Absidia</i> Tiegh.....	26
3.3.2	<i>Backusella</i> Hesselt. J.J & Ellis.....	28
3.3.3	<i>Circinella</i> Tiegh. & G. Le Monn.....	29
3.3.4	<i>Cunninghamella</i> Matr.....	30
3.3.5	<i>Gongronella</i> Ribaldi.....	31
3.3.6	<i>Lichtheimia</i> Vuill.....	32
3.3.7	<i>Mucor</i> Fresen.....	33
3.3.8	<i>Rhizopus</i> Ehrenb.....	35
3.4	UMBELOPSIDALES SPATAFORA, STAJICH & BONITO.....	37
3.4.1	<i>Umbelopsis</i> Amos & H.L. Barnett.....	38
3.5	A FLORESTA SECA DO SEMIÁRIDO BRASILEIRO E AS FLORESTAS TROPICAIS ÚMIDAS.....	38
3.6	ENCLAVES DE FLORESTAS ÚMIDAS BRASILEIRAS: BREJOS DE ALTITUDE.....	40
3.7	A INFLUÊNCIA DOS GRADIENTES DE ALTITUDE EM ECOSISTEMAS TERRESTES DE FUNGA.....	42
3.8	MUCOROMYCOTA NO BRASIL.....	44
3.9	MUCOROMYCOTA EM BREJOS DE ALTITUDE.....	47
4	MATERIAL E MÉTODOS.....	50
4.1	ÁREAS DE ESTUDO.....	50
4.1.1	RPPN Reserva Natural Brejo.....	50
4.1.2	Brejo de Taquaritinga do Norte.....	51

4.2	DADOS PLUVIOMÉTRICOS.....	51
4.3	COLETAS DE SOLO.....	52
4.4	ANÁLISE FÍSICO-QUÍMICA DO SOLO	52
4.5	ISOLAMENTO, PURIFICAÇÃO E IDENTIFICAÇÃO DOS MUCOROMYCOTA..	55
4.6	INCORPORAÇÃO DOS ESPÉCIMES DE MUCOROMYCOTA À COLEÇÃO DE CULTURAS MICOTECA URM E AO HERBÁRIO URM.....	56
4.7	AVALIAÇÃO DAS COMUNIDADES DE MUCOROMYCOTA	56
4.8	EXTRAÇÃO DE DNA, AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DAS REGIÕES ITS E LSU DO rDNA.....	57
4.9	CONFIRMAÇÃO GENÉTICA DOS MUCOROMYCOTA, ALINHAMENTO E ANÁLISES FILOGENÉTICAS.....	58
5	RESULTADOS	59
5.1	BREJO DE ALTITUDE DA RPPN RESERVA NATURAL BREJO.....	59
5.2	BREJO DE ALTITUDE DE TAQUARITINGA DO NORTE.....	69
6	DISCUSSÃO	78
6.1	BREJO DE ALTITUDE DA RPPN RESERVA NATURAL BREJO.....	79
6.2	BREJO DE ALTITUDE DE TAQUARITINGA DO NORTE.....	84
7	CONCLUSÃO	88
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	90
	APÊNDICE A: Crous, P.W., Carnegie, A.J., Wingfield, M.J., Sharma, R., Mughini, G., Noordeloos, M.E., <i>et al.</i> 2019. Fungal Planet description sheets: 868–950. <i>Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi</i> 42(1): 291–473.....	101
	APÊNDICE B: Cordeiro, T.R.L., Nguyen T.T., Lima, D.X., Silva, S.B., Lima, C.F., Leitão, Dar’c, J.D.A., Melo, Gurgel, L.M.S., Lee, H.B., Santiago, A.L.C.M.A. 2020. Two new species of the industrially relevant genus <i>Absidia</i> (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest. <i>Acta Botanica Brasilica</i> 34(3): 549–558.....	104
	APÊNDICE C: Cordeiro, T.R.L., da Silva, S.B.G., da Cruz, M.O., de Lima, C.L.F., Lima, D.X., Góes-Neto, A., Santiago, A.L.C.M.A. 2022. <i>Absidia pararepens</i> Jurjević, M. Kolařík & Hubka (Mucorales, Mucoromycota) was isolated for the first time in South America. <i>Nova Hedwigia</i> , 375-387.....	114

1 INTRODUÇÃO

Mucoromycota Doweld compreende fungos que se caracterizam pela produção do zigosporo, um esporo sexuado formado por copulação gametangial, enquanto a reprodução assexuada ocorre pela produção de esporangiosporos, merosporos e esporangíolos (Hoffmann *et al.* 2013). Majoritariamente, as espécies desse filo são sapróbias, embora algumas sejam frequentemente reportadas como endófitas, simbiontes com raízes de plantas, parasitas de animais, fungos e plantas (Benny, 2001; Benny *et al.* 2014; Rimington *et al.* 2019; Bonfante & Venice, 2020; Chang *et al.* 2022). Táxons de Mucoromycota são encontrados nos mais diversos substratos, sendo frequentemente isolados do solo, excrementos de animais, frutos e grãos estocados (Santiago *et al.* 2013a; Lima *et al.* 2018). Esses fungos são pioneiros na colonização dos substratos, investindo energia em rápido crescimento e esporulação, visando a dispersão, com a consequente perpetuação das espécies em substratos ricos em carboidratos simples (Benny *et al.* 2016). No Brasil, espécies de Mucoromycota têm sido isoladas nos domínios Caatinga, Mata Atlântica e Cerrado (Flora e Funga do Brasil, 2023).

O semiárido brasileiro ocupa 67% da região Nordeste, com área de 969.589,4 km², estendendo-se do estado do Piauí ao Norte de Minas Gerais (IBGE, 2007; Silva *et al.* 2010). As principais características dos ecossistemas semiáridos estão associadas à precipitação pluviométrica irregular, com médias anuais inferiores a 800 mm por ano, às elevadas taxas de evapotranspiração (2.000 mm por ano) e baixas taxas de umidade relativa, em torno de 50% de massa atmosférica, além das elevadas temperaturas médias anuais, entre 23 e 27 °C (Brito *et al.* 2007; Moura *et al.* 2007; Marengo *et al.* 2011). Inseridas em porções montanhosas semiáridas, existem frações de floresta tropical, chamadas de brejos de altitude. Esses brejos são regiões úmidas e isoladas dentro de áreas secas (Araújo Filho *et al.* 2000). Estas “ilhas” de florestas estão associadas a planaltos e chapadas entre 500–1.100 m de altitude, com precipitação superior a 1200 mm/ano (Tabarelli & Santos, 2004). Os brejos de altitude possuem condições privilegiadas quanto à umidade do solo e do ar, temperatura e cobertura vegetal, quando comparados às regiões secas e semiáridas da Caatinga, servindo como refúgio para espécies de florestas úmidas dentro do semiárido (Tabarelli & Santos, 2004; Corrêa *et al.* 2010; Marques *et al.* 2014).

Áreas de brejo de altitude podem apresentar variações nos tipos de solo, vegetação, clima e orografia (Viana *et al.* 2013; Maçaneiro *et al.* 2016), e os fatores bióticos e abióticos dos diferentes gradientes altitudinais influenciam na estruturação das comunidades fúngicas nesses “micro-habitats” (Coutinho *et al.* 2015; Vieira *et al.* 2019a,b). Segundo Peroni &

Hernández (2011) e Li *et al.* (2014), nessas áreas, o clima, o aporte de nutrientes, a precipitação e as condições edáficas contribuem em conjunto para abundância e frequência da biota nos diferentes tipos de relevo. Em relação aos fungos do filo Mucoromycota, há apenas um trabalho sobre a influência da altitude sobre as comunidades desses fungos em áreas de brejo de altitude (Lundgren, 2021), tendo o mesmo destacado que a altitude e a sazonalidade influenciam na diversidade e riqueza, mas não na abundância das espécies desse filo no solo.

No estado de Pernambuco, 23 brejos de altitude foram reportados por Tabarelli & Santos, 2004, estando 14 desses situados na mesorregião agreste (Rodrigues *et al.* 2008), dentre os quais apenas 11 foram inventariados quanto à ocorrência de Mucoromycota. Desses brejos, foram isoladas 60 espécies de Mucoromycota, incluindo 13 novas espécies, além de terem sido observados táxons raros e primeiras ocorrências para o Brasil e para os Neotrópicos (Cordeiro *et al.* 2020; de Lima *et al.* 2021; Leitão *et al.* 2021; Cordeiro *et al.* 2022; de Lima *et al.* 2022; Cordeiro *et al.* 2023). No entanto, considerando que elevadas riqueza e diversidade de espécies são esperadas em regiões tropicais (Hawksworth & Lücking, 2017), é possível que a riqueza conhecida desses fungos em brejos esteja subestimada. Além disso, dados ecológicos gerados (ainda não publicados) mostraram que a riqueza esperada de Mucoromycota não foi atingida na maioria dos brejos estudados. Em adição, como supracitado, apenas um estudo ecológico, reportou a influência da altitude na estruturação das comunidades desses fungos. Portanto, ainda há muitas lacunas sobre o conhecimento de como as comunidades de Mucoromycota são estruturadas nos brejos nordestinos, bem sobre como a altitude, as variáveis ambientais e as do solo influenciam nessas comunidades.

Nesse contexto, esse estudo foi baseado nas seguintes hipóteses: 1 – O solo dos brejos de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo e brejo de Taquaritinga do Norte apresentam elevada diversidade e riqueza de Mucoromycota, incluindo táxons raros e/ou novos. 2 – A altitude e a precipitação pluviométrica influenciam na estruturação das comunidades de Mucoromycota nos brejos de altitude estudados. 3 – Atributos químicos do solo influenciam na diversidade, abundância e distribuição das espécies de Mucoromycota nos solos dos brejos inventariados.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Conhecer como comunidades de Mucoromycota são estruturadas no solo de diferentes gradientes altitudinais, nos brejos de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo e de Taquaritinga do Norte, avaliando de que forma a altitude, os atributos químicos do solo e a pluviosidade influenciam na estruturação dessas comunidades.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- I – Determinar e comparar a diversidade, a frequência de ocorrência, a abundância relativa e a riqueza de espécies de Mucoromycota do solo entre diferentes gradientes de altitude em dois brejos do semiárido de Pernambuco;
- II – Avaliar a influência da altitude e da sazonalidade na composição, diversidade e riqueza de espécies dos Mucoromycota no solo de diferentes gradientes de altitude dos brejos estudados;
- III – Descrever e ilustrar espécies novas, raras e primeiras ocorrências para o Brasil;
- IV – Contribuir com a preservação *ex situ* (no Herbário URM, na Micoteca URM e no GenBank) da diversidade e do patrimônio genético dos Mucoromycota.

3 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

3.1 FUNGOS ZIGOSPÓRICOS: DO FILO ZYGOMYCOTA AO SUB-REINO MUCOROMYCETA

A classificação dos fungos zigospóricos têm passado por consideráveis alterações, desde que o tradicional filo “Zygomycota” Moreau foi desconsiderado, por ser polifilético (Hibbett *et al.* 2007). Interessante reportar que o nome Zygomycota era inválido, pela ausência de descrição em latim, de acordo com o Código de Nomenclatura Botânica (atual Código de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas), em 1954. As mais expressivas mudanças para o grupo foram estabelecidas através do advento de biologia molecular, com embasamento filogenético de diferentes regiões do DNA (O’Donnell *et al.* 2001; James *et al.* 2006; Hibbett *et al.* 2007).

Jensen *et al.* (1998) reportaram a perda de flagelos durante o processo evolutivo dos fungos e a possível polifilia de Zygomycota, com base na análise filogenética de sequências da menor subunidade nuclear do DNA ribossomal (SSU rDNA), seguidos por Tanabe *et al.* (2000), que afirmaram a presença de grandes divergências em Zygomycota, como a posição dos clados dos Basidiobolales, Entomophthorales, Dimargaritales e sua colocação dentro dos fungos, e sugeriram que sequências de genes codificadores de proteínas, assim como o fator de alongamento de tradução EF-1 α e os genes mitocondriais, poderiam elucidar a colocação filogenética e estabelecer melhores relações entre os táxons de fungos zigospóricos.

Em 2001, O’Donnell *et al.* (2001) realizaram a primeira análise filogenética envolvendo todos os gêneros de Mucorales, sendo utilizados os dados de 13 famílias, 54 gêneros e 63 espécies. As análises com base nos genes ribossomais 18S (SSU) e 28S (LSU) e no fator de alongação (EF-1 α) revelaram uma polifilia em larga escala para essa ordem. Alguns anos depois, James *et al.* (2006), também reportaram que Zygomycota era polifilético, baseados em análises dos marcadores de rRNA, fator de alongação 1- α (EF1- α), e duas subunidades de RNA polimerase (RPB1 e RPB2).

Em discordância com os dados sugeridos em outros estudos, Liu *et al.* (2006) estabeleceram que os fungos zigospóricos formavam um grupo monofilético, abrangendo Zygomycetes G. Winter, Trichomycetes Alexop. e Glomerales J.B. Morton & Benny, pela inferência de resultados de sequências RPB1 e RPB2. Para esses autores, o conjunto de dados fornecidos em trabalhos anteriores, com dados de sequências de 18S e 28S do rDNA, mostraram-se fracamente apoiados pela utilização de poucos táxons usados para o estabelecimento das relações filogenéticas do grupo.

Hibbett *et al.* (2007) propuseram uma classificação com posição incerta (com referência à categoria de filo) para esses fungos com base em relações filogenéticas utilizando os marcadores LSU, SSU e ITS (rDNA), RPB1, RPB2, TEF-1 α , α -tub, β -tub. Dessa forma, os fungos zigospóricos foram agrupados em quatro subfilos com sede incerta: Mucoromycotina Benny, Entomophthoromycotina Humber, Kickxellomycotina Benny e Zoopagomycotina Benny. Alguns anos depois, Hoffmann *et al.* (2011) propuseram o subfilo Mortierellomycotina Kerst. Hoffm., K. Voigt & P.M. Kirk e, em seguida, Humber (2012) elevou o subfilo Entomophthoromycotina para o filo Entomophthoromycota Humber.

Spatafora *et al.* (2016) em um estudo filogenético envolvendo análises de dados em escala genômica, agruparam os fungos zigospóricos em dois filis parafiléticos: Mucoromycota Doweld (subfilos: Mucoromycotina, Mortierellomycotina e Glomeromycotina Spatafora & Stajich), caracterizados por modos nutricionais associados às plantas e, um segundo filo, Zoopagomycota Gryganskyi, M.E. Smith, Stajich & Spatafora (subfilos: Entomophthoromycotina, Kickxellomycotina e Zoopagomycotina), cujas espécies são caracterizadas por se associarem com pequenos animais ou fungos.

Tedersoo *et al.* (2018) realocaram os fungos zigospóricos em três sub-reinos: Basidiobolomyceta Tedersoo *et al.* (filo: Basidiobolomycota Doweld), Mucoromyceta Tedersoo *et al.* (filos: Mucoromycota Doweld, Mortierellomycota Tedersoo *et al.* Calcarisporiellomycota Tedersoo *et al.* e Glomeromycota C. Walker & A. Schüßler) e Zoopagomyceta Tedersoo *et al.* (filos: Entomophthoromycota Humber, Kickxellomycota Tedersoo *et al.* e Zoopagomycota M.E. Smith, Spatafora & Stajich).

A classificação mais recente para os fungos zigospóricos foi realizada por Wijayawardene *et al.* (2022), que consideram os mesmos filis estabelecidos por Tedersoo *et al.* (2018): Basidiobolomycota, Mucoromycota, Mortierellomycota, Calcarisporiellomycota, Glomeromycota, Entomophthoromycota, Kickxellomycota e Zoopagomycota.

3.2 MUCOROMYCOTA DOWELD

Mucoromycota Doweld abriga fungos sapróbios (maioria), patógenos facultativos de humanos, outros animais e plantas, além de representantes micoparasitas. O filo, atualmente, compreende apenas o subfilo Mucoromycotina, com as classes: Mucoromycetes, Endogonomycetes e Umbelopsidomycetes, que abrigaram as ordens: Endogonales, Mucorales e Umbelopsidales, com 18 famílias, 64 gêneros e aproximadamente 350 espécies (Spatafora *et al.* 2016; Tedersoo *et al.* 2018; Wijayawardene *et al.* 2022).

A reprodução desses fungos geralmente ocorre de forma assexuada pela produção de esporos/esporangiosporos produzidos no interior de esporângios, esporângios e merosporângios. Estágios reprodutivos também podem ocorrer pela formação de clamidospores, células brotantes ou artrospores (Benny *et al.* 2014; Spatafora *et al.* 2016; Lima *et al.* 2018). A reprodução sexuada é rara para esses fungos, mas, quando observada, ocorre pela união de hifas geneticamente compatíveis, por copulação gametangial, formando o zigospório, uma estrutura com parede espessa, lisa ou ornamentada e coloração comumente escura. No interior do zigospório, encontra-se um único esporo sexuado formado por meiose, o zigosporo (Benny *et al.* 2016; Tedersoo *et al.* 2018).

Mucoromycotina, o único subfilo do filo Mucoromycota (Tedersoo *et al.* 2018), compreende fungos presentes nos mais diversos habitats/substratos, como solo, excrementos, matéria orgânica em decomposição, grãos estocados, detritos de plantas e partes da planta ricas em açúcar, como os frutos (Spatafora *et al.* 2016). Embora a maioria dos táxons desse subfilo apresente hábito sapróbio, sendo extremamente importantes para o ciclo do carbono, esses fungos também têm sido reportados, mesmo que raramente, como micoparasitas, podendo também infectar humanos, geralmente imunocomprometidos, e outros animais (Hoffmann *et al.* 2013; Terhonen *et al.* 2014; Spatafora *et al.* 2016).

A parede celular dos Mucoromycotina é em grande parte formada por quitina e quitosana, e suas hifas apresentam crescimento rápido, constituindo colônias com coloração variando entre branco, cinza, amarelo, laranja, marrom e preto, de acordo com a espécie e idade dessas colônias (Benny *et al.* 2014). Mucoromycotina abriga suas famílias em três ordens: Endogonales Jacz. & P.A. Jacz., Mucorales Fr. e Umbelopsidales Spatafora, Stajich & Bonito, conforme proposto por Spatafora *et al.* (2016).

Endogonales abrange espécies sapróbias e simbioses ectomicorrízicas de plantas avasculares e vasculares, podem ser encontradas em plantas e solos, material orgânico em decomposição e em excrementos de roedores (Benny *et al.* 2016; Desirò *et al.* 2017). Os fungos dessa ordem caracterizam-se pela formação esporocarpos. No interior dos esporocarpos, as estruturas de reprodução podem originar novos corpos miceliais pela produção de zigosporos, produzidos em zigospórios com suspensores apostos, ou ainda, produzindo clamidospores (Desirò *et al.* 2017; Yamamoto *et al.* 2020). Acredita-se que espécimes de Endogonales foram os representantes fúngicos primários que estabeleceram um modo de nutrição simbiótica entre fungos e plantas, antes mesmo antes dos fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e dos ectomicorrízicos de Dikarya, desempenhando papel crucial na colonização de ambientes

terrestres (Bidartono *et al.* 2011; Spatafora *et al.* 2016; Desirò *et al.* 2017; Yamamoto *et al.* 2020).

As ordens Mucorales e Umbelopsidales serão tratadas nos itens a seguir.

3.3 MUCORALES DUMORT.

Fungos da ordem Mucorales são os mais estudados dentro de Mucoromycotina, com aproximadamente 320 espécies descritas (Wijayawardene *et al.* 2022). A maioria das espécies do grupo são encontradas no solo, frutos, vegetais, grãos estocados e animais (causando mucormicose) (Spatafora *et al.* 2016; Walther *et al.* 2019), embora algumas espécies tenham sido apenas observadas em excrementos de mamíferos, herbívoros e roedores, principalmente as pertencentes aos gêneros *Chaetocladium* Fresen., *Cokeromyces* Shanor, *Dichotomocladium* Benny & R.K. Benj., *Ellisomyces* Benny & R.K. Benj., *Fennellomyces* Benny & R.K. Benj., *Pilaira* Tiegh., *Phycomyces* Kunze, *Thamnostylum* Arx & H.P. Upadhyay e *Utharomyces* Boedijn ex P.M. Kirk & Benny (Krug *et al.* 2004). No entanto, apenas *Pilobolus* Tode abriga espécies coprófilas obrigatórias (Benny *et al.* 2014).

Espécies de Mucorales apresentam amplos nichos ecológicos e estilos de vida variados, podendo ser sapróbias, parasita facultativas e patógenas oportunistas, sendo muitas utilizadas em modelos de estudos evolutivos (Voigt *et al.* 2016). A maioria das espécies dessa ordem se caracteriza pela formação de um micélio cenocítico, com hifas de crescimento rápido, quando comparadas a outras ordens de Mucoromycotina (Voigt *et al.* 2014). Todavia, septos podem ser encontrados delimitando estruturas reprodutivas ou próximos aos pontos de ramificação das espécies. Os septos irregularmente espaçados também podem ser encontrados em culturas envelhecidas (Hoffmann *et al.* 2013; Benny, 2016).

A taxonomia dessa ordem mudou consideravelmente nos últimos anos. O homotalismo, a forma das células suspensoras e a formação de esporângios deixaram de ser características taxonomicamente importantes para determinar as espécies de Mucorales (Walther *et al.* 2019). Além disso, estudos moleculares e filogenéticos tornaram-se cada vez mais importantes para delimitação de espécies, sendo as regiões do rDNA (ITS e LSU) as mais utilizadas para identificação dos táxons dessa ordem (Walther *et al.* 2013).

Espécies de Mucorales podem se reproduzir sexuada e assexuadamente, embora a reprodução sexuada não tenha sido observada em algumas espécies (Benny *et al.* 2016). A primeira ocorre pela formação de um único zigospório (globoso e hialino) produzido no interior do zigospórângio, estrutura com parede espessa e escura, podendo ser amarela, laranja ou até vermelha, em algumas espécies, ornamentada ou não, originada pela indução de um feromônio

quimiotático, o ácido trispórico, que estimula o contato das hifas geneticamente compatíveis (zigóforos) por copulação gametangial, resultando na formação de um zigoto (Benny *et al.* 2014; Voigt *et al.* 2016; Walther *et al.* 2019). Entretanto, a maioria das espécies conhecidas, reproduzem-se assexuadamente, produzindo esporangiosporos, formados por clivagem, no interior de esporângios (multiesporados), esporangiólos (uni ou multiesporados) ou merosporângios. Os Mucorales também podem se desenvolver através de estruturas diferenciadas das hifas, como os clamidosporos, artrosporos (muito raros) ou células leveduriformes, no caso das espécies dimórficas (Hoffmann *et al.* 2013; Benny *et al.* 2014; 2016).

Como supracitado, os esporangiosporos são produzidos em um esporângio, que é uma estrutura globosa ou subglobosa localizada no ápice dos esporangióforos. Esses esporângios podem apresentar parede deliquescente, persistente ou evanescente, podendo ser lisos ou equinulados, e possuem um número incontável de esporangiosporos (Benny *et al.* 2014; Walther *et al.* 2019). Os esporangiólos são esporângios menores, com esporos que podem ser facilmente contados ao microscópio de luz, exibindo, em geral, parede persistente, sendo sustentados por pedicelos que surgem dos esporangióforos ou em esporóforos curtos (com apenas esporangiólos) que surgem diretamente do meio de cultura. Os merosporângios são esporângios com forma alongada, geralmente cilíndricos ou claviformes, com parede evanescente ou persistente, e que portam um número contável de merosporangiosporos (ou merosporos) (Benny *et al.* 2014; Hoffmann *et al.* 2013; Walther *et al.* 2019).

Muitas espécies de Mucorales são conhecidas por apresentarem elevada importância econômica. Na agricultura, alguns táxons são causadores de doenças em cultivares, atuando na degradação dos açúcares menos complexos dos alimentos, como a glicose, causando o apodrecimento de várias frutas e verduras [ex. *Choanephora cucurbitarum* (Berk. & Ravenel) Thaxt., *Gilbertella persicaria* (E.D. Eddy) Hesselt., *Mucor piriformis* A. Fisch. e *Rhizopus stolonifer* (Ehrenb.: Fr.) Vuill.] (Benny *et al.* 2014). Contudo, a maioria das espécies de Mucorales pode ser benéfica para os ecossistemas, atuando ativamente na ciclagem de nutrientes dos substratos, sendo responsáveis pela troca de nitrogênio e carbono nos ambientes (Lima *et al.* 2018). Como R-estrategistas, os Mucorales são em geral os primeiros colonizadores dos substratos ricos em açúcares simples, de forma que investem energia em crescimento, reprodução e dispersão, garantindo a propagação das espécies (Richardson, 2008; Voigt *et al.* 2014).

Representantes de Mucorales são utilizados em processo de produção de enzimas, como amilases, inulinasas, lipases, pectinases e renina (Hoffmann *et al.* 2013). Espécies de *Mucor* e

Rhizopus podem ser aplicadas na produção de biodiesel, pois acumulam grandes quantidades de lipídios na sua membrana plasmática. Outros metabólitos relevantes produzidos por Mucorales são etanóis, carotenóides e ácidos orgânicos (Benny *et al.* 2014; Voigt *et al.* 2016). Alguns táxons dessa ordem são ainda empregados na biossorção de compostos aromáticos policíclicos, hidrocarbonetos e no tratamento de resíduos de indústria têxtil (ex. *Cunninghamella* e *Rhizopus*) (Benny *et al.* 2014).

Na indústria alimentícia, espécies de Mucorales são usadas na fermentação de alimentos asiáticos (tempeh e tofu). Adicionalmente, a biomassa produzida pelos fungos pode ser usada como alimentos para animais e peixes, devido ao seu alto valor nutricional (Benny *et al.* 2016; Voigt *et al.* 2016). Na medicina, algumas espécies termotolerantes ou termofílicas, que são capazes de crescer na temperatura do corpo humano (37 °C), foram relatadas causando mucormicose (ex. espécies de *Apophysomyces*, *Cokeromyces*, *Cunninghamella*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Rhizomucor*, *Rhizopus* e *Saksenaea*), infectando geralmente pacientes com alguma comorbidade e imunologicamente deficientes. As mucormicose podem acometer vários órgãos, como cérebro, trato gastrointestinal e pulmões (Kamei, 2000; Ribes *et al.* 2000; Benny *et al.* 2014; Walther *et al.* 2019).

Atualmente, os Mucorales estão distribuídos em 14 famílias: Backusellaceae K. Voigt & P.M. Kirk, Choanephoraceae J. Schröt., Cunninghamellaceae Naumov ex R.K. Benj. Lentamycetaceae K. Voigt & P.M. Kirk, Lichtheimiaceae Kerst. Hoffm., Walther & K. Voigt, Mucoraceae Dumort., Mycocladaeae Kerst. Hoffm., Disher & K. Voigt, Mycotyphaceae Benny & R.K. Benj., Phycomycetaceae Arx, Pilobolaceae Corda, Radiomycetaceae Hesselt. & J.J. Ellis, Rhizopodaceae K. Schum., Saksenaeaceae Hesselt. & J.J. Ellis e Syncephalastraceae Naumov ex R.K. Benj., englobando 55 gêneros (Wijayawardene *et al.* 2022), dentre os quais oito estão sendo relatados no presente trabalho para áreas de brejo de altitude de Pernambuco.

3.3.1 *Absidia* Tiegh.

O gênero *Absidia* compreende espécies comumente isoladas de matéria orgânica em decomposição, solo e excrementos de herbívoros (van Tieghem, 1878; Cordeiro *et al.* 2020). Táxons desse gênero caracterizam-se por formarem esporangióforos isolados ou agrupados em cachos, que surgem ao longo e/ou no final de estolões. Uma das principais características morfológicas desse gênero é a presença da apófise, uma estrutura alongada, geralmente em forma de sino, localizada abaixo do esporângio (Benny, 2001; Hoffmann, 2010; Zhao *et al.* 2022). Os esporângios de *Absidia* possuem parede deliquescente e lisa, e as columelas são geralmente hemisféricas e subglobosas, embora outras formas possam ser visualizadas em

alguns táxons (Hoffmann *et al.* 2007). As columelas podem exibir até três projeções apicais, geralmente filiformes, com ou sem uma extremidade bulbosa (Cordeiro *et al.* 2020; Lima *et al.* 2020).

Hesseltine & Ellis (1964, 1966) e Ellis & Hesseltine (1965) monografaram *Absidia* e separaram as espécies até então conhecidas em três grupos de acordo com a forma dos esporangiosporos: 1 – Esporangiosporos ovóides: *A. blakesleeana* Lendn., *A. cuneospora* G.F. Orr & Plunkett, *A. hyalospora* (Saito) Lendn., *A. parricida* Muskat ex Hesselt. & J.J. Ellis, *A. repens* Tiegh., *A. verticillata* (Beauverie) Lendn., e *A. zychae* Hesselt. & J.J. Ellis; 2 – Esporangiosporos cilíndricos: *A. anomala* Hesselt. & J.J. Ellis, *A. cylindrospora* Hagem, *A. fusca* Linnem., *A. heterospora* Y. Ling, *A. pseudocylindrospora* Hesselt. & J.J. Ellis, *A. psychrophilia* Hesselt. & J.J. Ellis, e *A. spinosa* Lendn.; 3 – Esporangiosporos globosos: *A. californica* J.J. Ellis & Hesselt., *A. coerulea* Bainier, *A. glauca* Hagem, *A. reflexa* Tiegh., *A. scabra* Cocc., e *A. septata* Tiegh.

Hoffmann *et al.* (2007) com base em dados moleculares e morfofisiológicos, reagruparam as espécies de *Absidia* em três grupos: (1) espécies mesofílicas – com crescimento ideal entre 25 e 34 °C, o que atualmente inclui todas as espécies de *Absidia strictu sensu*; (2) espécies micoparasitas – com crescimento ideal entre 14 e 25 °C [(espécies posteriormente transferidas para *Lentamyces* K. Hoffm. & K. Voigt (Hoffmann & Voigt, 2009)] e (3) espécies termotolerantes – com crescimento ideal entre 37 e 45 °C [(espécies posteriormente transferidas para *Lichtheimia* Vuill. (Hoffmann *et al.* 2009)].

Algumas espécies de *Absidia* exibem elevada importância industrial. Espécimes de *A. glauca* Hagem podem catalisar a biotransformação de ácidos, resultando em compostos hidroxilados. Ademais, são capazes de produzir quitosana, antimicrobianos, e atuarem na biotransformação de esteróides (Huszcza & Gladysz, 2003; Rungsardthong *et al.* 2006; Dai *et al.* 2009). Espécimes de *A. coerulea* Bainier são capazes de transformar saponinas, apresentando alto rendimento e regiosseletividade em 20 (S)-protopanaxatriol (Chen *et al.* 2007), enquanto isolados de *A. cylindrospora* atuam na bioabsorção de metais pesados, como cádmio, cobre e chumbo, em condições experimentais (Albert *et al.* 2018). *Absidia griseola* H. Nagan. & Hirahara possui capacidade de biotransformação, promovendo a hidroxilação da progesterona, resultando em 14 α -hidroxiprogesterona e 6 β , 11 α -dihidroxiprogesterona (Habibi *et al.* 2012).

Atualmente, 57 espécies de *Absidia* são aceitas, dentre as quais 14 foram reportadas no Brasil, nos domínios Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica: *A. aguabelensis* J.D. Leitão, T.R.L. Cordeiro, Hyang B. Lee & A.L. Santiago, *A. bonitoensis* C.L. Lima, D.X. Lima, Hyang B. Lee

& A.L. Santiago, *A. caatingaensis* D.X. Lima & A.L. Santiago, *A. cylindrospora*, *A. cornuta* D.X. Lima, C.A. de Souza, H.B. Lee & A.L. Santiago, *A. montepascoalis* L.W.S. Freitas, Hyang B. Lee, T.T.T. Nguyen, M.O. Cruz & A.L. Santiago, *A. multispora* T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago, *A. pararepens* Jurjević, M. Kolařík & Hubka, *A. pernambucoensis* D.X. Lima, Souza-Motta & A.L. Santiago, *A. pseudocylindrospora*, *A. repens*, *A. spinosa*, *A. saloaensis* T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago e *A. variicolumellata* L.W.S. Freitas, M.O. Cruz, Hyang B. Lee & A.L. Santiago (Cordeiro *et al.* 2020; Freitas *et al.* 2020; Lima *et al.* 2020; de Lima *et al.* 2021; Leitão *et al.* 2021; Cordeiro *et al.* 2022; Flora e Funga do Brasil, 2023; Freitas *et al.* 2022).

3.3.2 *Backusella* Hesselt. J.J & Ellis

Primeiramente descrito por Hesseltine & Ellis (1969) e posteriormente monografado por Benny & Benjamim (1975), *Backusella* abrigava inicialmente três espécies: *B. circina* J.J. Ellis & Hesselt., *B. ctenidia* (Durrell & M. Fleming) Pidopl. & Milko ex Benny & R.K. Benj. e *B. lamprospora* (Lendn.) Benny & R.K. Benj. (Ellis & Hesseltine, 1969; Benny & Benjamin, 1975). Por muitos anos, as espécies de *Backusella* foram realocadas em várias famílias, inicialmente, foram colocadas em Mucoraceae por Hesseltine & Ellis (1969) devido a sua semelhança morfológica com as espécies de *Mucor*, e pela produção concomitante de esporângios multiesporados e/ou uniesporados. Posteriormente, Pidoplichko & Milko (1971) transferiram as espécies de *Backusella* para Thamniaceae Fitzp. e incluíram *Thamnidium ctenidium* Durrell & M. Fleming ao grupo, sinonimizando a espécie para *B. ctenidia* (Durrell & M. Fleming) Pidopl. & Milko ex Benny & R.K. Benj., (Ellis & Hesseltine 1969; Benny & Benjamim 1975).

Espécies de *Backusella* caracterizam-se pela formação de esporângios recurvados em colônias jovens, tornando-se eretos ao envelhecerem, e que podem surgir diretamente do micélio aéreo ou do substrato (Walther *et al.* 2013). As paredes dos esporângios geralmente são hialinas, lisas ou incrustadas. Os representantes descritos para o gênero podem formar esporângios simples ou ramificados, com pedicelos laterais que sustentam esporângios ou esporângios (Benny & Benjamin, 1975; Voigt, 2012). Os esporângios de *Backusella* apresentam parede deliquescente, lisa ou revestida com pequenos espinhos, e os esporângios exibem parede persistente, lisa ou equinulada, podendo ser uni ou multiesporados (Benny *et al.* 2014; Urquhart *et al.* 2020). As columelas variam em forma, algumas apresentando uma leve constrição central. Embora a maioria das espécies de *Backusella* formem esporângios, esse traço morfológico não pode ser considerado como referência para a identificação dos táxons, já

que se trata de uma característica pleisiomórfica da ordem Mucorales (Walther *et al.* 2013; Urquhart *et al.* 2020). Os zigospórangios geralmente exibem projeções arredondadas ou ornamentadas e, as paredes variam entre castanho e marrom escuro (Voigt, 2012; Walther *et al.* 2013; de Souza *et al.* 2014).

Utilizando as regiões ITS e LSU do rDNA, Walther *et al.* (2013) realizaram um estudo filogenético da ordem Mucorales e verificaram que algumas espécies de *Mucor* que formam esporangióforos recurvados, quando jovens, tornando-se eretos na maturidade, foram aninhadas nas árvores filogenéticas construídas no mesmo clado que as espécies de *Backusella*, cujos esporangióforos também se comportam da mesma forma. Assim, todas as espécies de *Mucor* com essa característica foram transferidos para *Backusella*, tendo *M. grandis* Schipper & Samson, *M. recurvus* var. *indicus* Baijal & BS Mehrotra, *M. oblongiellipticus* H. Nagan, Hirahara & Seshita ex Pidopl & Milko., *M. oblongisporus* Naumov, *M. recurvus* var. *recurvus* E.E Butler, *M. tuberculisporus* Schipper e *M. variabilis* A.K Sarbhoy sido denominadas: *B. grandis* (Schipper & Samson) Walther & de Hoog, *B. indica* (Baijal & B.S Mehrotra) Walther & de Hoog, *B. oblongielliptica* (H. Nagan, Hirahara & Seshita ex Pidopl & Milko.) Walther & de Hoog, *B. oblongispora* (Naumov) Walther & de Hoog, *B. recurva* (E.E Butler) Walther & de Hoog, *B. tuberculispora* (Schipper) G. Walther & de Hoog e *B. variabilis* (AK Sarbhoy) Walther & de Hoog, respectivamente. *Backusella ctenidia* (Durrel & M. Fleming) Pidopl. & Milko ex Benny & R. K. Benj., anteriormente *Thamnidium ctenidium*, foi transferida para *Mucor* e denominada *M. ctenidius* (Durrell & M. Fleming) Walther & de Hoog (Walther *et al.* 2013).

Trinta e três espécies de *Backusella* são aceitas, dentre as quais oito foram reportadas para o Brasil: *B. azygospora*, *B. brasiliensis*, *B. constricta*, *B. gigacellularis*, *B. lamprospora*, *B. obliqua*, *B. pernambucensis* e *B. variabilis*, isoladas de folheto ou do solo dos domínios Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica (de Souza *et al.* 2013; Lima *et al.* 2014; Crous *et al.* 2019; de Lima *et al.* 2022; Flora e Funga do Brasil, 2023; Cordeiro *et al.* 2023).

3.3.3 *Circinella* Tiegh. & G. Le Monn.

Circinella foi descrito em 1873, por van Tieghem & Le Monnier, para agrupar espécies que formam esporangióforos circinados, simples ou ramificados, com ou sem espinhos estéreis, que podem surgir do substrato ou do micélio aéreo (Zheng *et al.* 2017). Os esporângios são globosos, multiesporados e com parede persistente. As columelas das espécies de *Circinella* podem apresentar forma ovoide, cilíndrica, piriforme, aplanada, hemisférica, globosa e cônica, e os esporangiosporos podem ser globosos, ovóides, elipsóides e irregulares (Zheng *et al.* 2017).

Embora espécies de *Circinella* possam ser morfológicamente semelhantes às de *Mucor*, destaca-se que as espécies de *Mucor* não produzem esporangióforos em cachos ou com espinhos estéreis (Hesseltine & Fennell, 1955; Lima *et al.* 2017; Zheng *et al.* 2017).

Chu *et al.* (2021) reportaram a utilização de *C. muscae* CGMCC 3.2695 em processos de biotransformação de ácido ursólico, catalisando reações de hidroxilação, lactonização, carbonilação e redução de carboxila, que servem como inibidores neuroinflamatórios.

De acordo com Wijayawardene *et al.* (2022), onze espécies de *Circinella* são aceitas, tendo quatro sido reportadas para o Brasil: *C. angarensis* (Schostak.) Zycha, *C. minor* Lendn., *C. muscae* (Sorokín) Berl. & De Toni e *C. umbellata* Tiegh. & G. Le Monn., isoladas de solos do Cerrado e da Mata Atlântica, bem como de excrementos de herbívoros (de Souza *et al.* 2017; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.3.4 *Cunninghamella* Matr.

Cunninghamella foi descrito por Matruchot (1903) e compreende espécies caracterizadas por produzirem esporóforos com esporangióolos apicais uniesporados. Por muitos anos, os táxons desse gênero foram delimitados conforme a temperatura máxima de crescimento, a cor e textura das colônias, padrão de ramificação dos esporóforos, forma e tamanho das vesículas, tipos de esporangióolos, e pela ausência e/ou presença de espinhos nos esporangióolos. Zycha (1935), Alcorn & Yeanger (1938), Naumov (1939), Cutter (1946), Milko & Beljakova (1967) e Samson (1969) reportaram 43 nomes de espécies para *Cunninghamella*, no entanto, apenas três espécies foram reportadas em comum nesses trabalhos. Grande parte dos táxons citados eram espécies taxonomicamente iguais a outras já publicadas, as quais foram posteriormente sinonimizadas ou invalidadas (Zheng *et al.* 2001).

Após um estudo taxonômico utilizando quase 200 espécimes de *Cunninghamella*, Zheng & Chen (2001) delimitaram 12 espécies e 3 variedades para o gênero: *C. bertholletiae* Stadel, *C. blakesleeana* Lendn., *C. binarie* R.Y. Zheng, *C. clavata* R.Y. Zheng & G.Q. Chen, *C. echinulata* var. *antarctica* (Caretta & Piont.) R.Y. Zheng & G.Q. Chen, *C. echinulata* var. *echinulata* (Thaxt.) Thaxt. Ex Blakeslee, *C. echinulata* var. *nodosa* R.Y. Zheng, *C. echinulata* var. *verticillata* (F.S. Paine) R.Y. Zheng & G.Q. Chen, *C. elegans* Lendn., *C. homothallica* Komin. & Tubaki, *C. intermedia* K.B. Deshp. & Mantri, *C. multiverticillata* R.Y. Zheng & G.Q. Chen, *C. phaeospora* Boedijn e *C. septata* R.Y. Zheng (Zheng *et al.* 2001), confirmadas com base em biologia molecular e análise filogenética da região ITS rDNA (Liu *et al.* 2001).

As espécies de *Cunninghamella* são sapróbias, sendo geralmente isoladas do solo, excrementos de mamíferos, frutas e matéria orgânica em decomposição. Contudo, espécimes

do gênero foram relatados causando infecções severas em humanos (ex. *C. bertholletiae*, *C. echinulata*, *C. elegans* e *C. blakesleeana*), os relatos são geralmente em indivíduos imunodeprimidos, como, por exemplo, pacientes portadores de diabetes não controlada ou com deficiência hematológica (Yu *et al.* 2014).

Dezenove espécies são aceitas em *Cunninghamella*, sendo que apenas seis espécies foram reportadas para o Brasil, em brejos de altitude, Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica, isoladas de folheto e do solo: *C. blakesleeana*, *C. clavata*, *C. echinulata*, *C. elegans*, *C. gigacellularis* e *C. phaeospora* (Hyde *et al.* 2016; Alves *et al.* 2017; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.3.5 *Gongronella* Ribaldi

O gênero *Gongronella* foi inicialmente descrito por Ribaldi (1952) e abriga espécies caracterizadas pela formação de colônias baixas, esporangióforos com apófise dilatada e columelas de tamanho reduzido. Os esporângios são globosos, em maioria, pequenos e com parede deliquescente, e os esporangiosporos são comumente elípticos e/ou reniformes (Adamčík *et al.* 2015; Zhang *et al.* 2019). Espécies de *Gongronella* são capazes de crescer nos mais diversos tipos de solo, distribuindo-se principalmente por regiões de climas quentes e subtropicais (Tibpromma *et al.* 2017; Dong *et al.* 2019).

A princípio, *Gongronella* abrigava apenas *G. urceolifera* Ribaldi (= *G. butleri* Lendn.). Contudo, Peyronel & Dal Vesco (1955) transferiram *Absidia butleri* Lendn. para *Gongronella* e a sinonimizaram com *G. butleri*, com base na morfologia de sua apófise bem definida e destacada, além dessa ser morfológicamente ser semelhante a espécie-tipo do gênero, *G. urceolifera* (Domsch *et al.* 2007; Lima *et al.* 2018; Dong *et al.* 2019).

Representantes de *Gongronella* foram reportados como importantes para aplicações biotecnológicas, como a produção de enzimas (ex. quitosanase e lacase), proteínas antifúngicas e compostos bioativos (Zhou *et al.* 2008, Wang *et al.* 2008, Wei *et al.* 2010). *Gongronella butleri* pode produzir β -glucosidase (Santos *et al.* 2016) e ácidos orgânicos derivados do ácido 2-pentenodioico (Akone *et al.* 2014). Além disso, um espécime de *Gongronella* foi reportado promovendo o crescimento de plantas, secretando ácido orgânico e facilitando a aquisição de fósforo pelos vegetais (Dong *et al.* 2018).

Atualmente, doze espécies são aceitas para gênero, dentre as quais apenas quatro foram reportadas no Brasil, no solo da Caatinga e Mata Atlântica: *G. brasiliensis*, *G. butleri*, *G. lacrispora* e *G. pedratalhadensis* (Ariyawansa *et al.* 2015; Freitas *et al.* 2020; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.3.6 *Lichtheimia* Vuill.

Espécies de *Lichtheimia* apresentam crescimento ótimo em temperaturas entre 37 e 42 °C e, no máximo, 55 °C, sendo termotolerantes, ao contrário das espécies de *Absidia*, que, em maioria, são mesofílicas. Os esporangióforos de *Lichtheimia* podem apresentar um septo sub-esporangial e podem ser observadas células gigantes abundantes no micélio, geralmente com projeções rizopodiformes. Os zigosporos das espécies desse gênero geralmente formam anéis equatoriais e as células suspensoras dos zigosporângios não apresentam apêndices (Hoffmann *et al.* 2007; 2009; Alastruey-Izquierdo *et al.* 2010; Santiago *et al.* 2014).

Lichtheimia pertence à família Lichtheimiaceae K. Hoffm., G. Walther & K. Voigt e é representado pela espécie-tipo *L. corymbifera* (Cohn) Vuill. Comumente, espécimes de *Lichtheimia* apresentam hábito sapróbio, sendo frequentemente isolados do solo e de excrementos de mamíferos (Alastruey-Izquierdo *et al.* 2010; Santiago *et al.* 2014). Contudo, cepas relevantes clinicamente foram reportadas como agentes causadoras de mucormicose, já que são termotolerantes e se desenvolvem bem na temperatura corporal humana (Alastruey-Izquierdo *et al.* 2010; Schwartze *et al.* 2012).

Espécies de *Lichtheimia* são capazes de causar mucormicose invasivas em pacientes imunocomprometidos, sendo fatores de risco as doenças hematológicas malignas, os transplantes de células-tronco hematopoiéticas e órgãos, neutropenia, diabetes mellitus não controlada e pessoas em tratamento com corticosteroides (Bassetti *et al.* 2017). Os locais mais acometidos por mucormicose são as regiões pulmonar, cutânea e rinocerebral (Francis *et al.* 2017). *Lichtheimia corymbifera* foi reportada como causadora de mucormicose em pacientes com linfoma envolvendo pulmões, rins e tireoide, que havia sido identificada como provável aspergilose, o que retardou a terapia para mucormicose (Mauro *et al.* 2020). Um espécime de *Lichtheimia ramosa* (Zopf) Vuill. foi relatado como patógeno invasor derivado de uma doação e infectando um paciente receptor em transplante renal (Spithoven *et al.* 2020). *Lichtheimia ornata* (A.K. Sarbhoy) Alastr.-Izq. & Walther foi reportada causando infecção fatal rino-orbitária cerebral em receptor de transplante de células-tronco hematopoiéticas (Pan *et al.* 2020).

Lichtheimia hyalospora (Saito) Kerst. Hoffm., Walther & K. Voigt foi identificada através da caracterização morfológica e molecular da região do DNA ribossomal fúngico (rDNA) em camarões secos de água doce em Bangladesh, informações até então não registradas para a associação entre camarões e peixes secos e o patógeno micológico, já que comumente esses fungos são encontrados como sapróbios do solo ou de material orgânico em

decomposição. Contudo, a tolerância em condições mais quentes permite que o fungo sobreviva no intestino de animais e em seus excrementos (Sultana *et al.* 2020).

Lichtheimia corymbifera foi citada como produtora de queratinase, atuando na degradação de cascos bovinos obtidos em matadouros. O resíduo hidrolisado apresentou influência positiva para germinação de sementes e crescimento de plantas (Abirami *et al.* 2020).

Sete espécies são aceitas para o gênero, tendo apenas *L. blakesleeana*, *L. brasiliensis*, *L. corymbifera* e *L. hyalospora* sido citadas para o Brasil, isoladas de solos da Caatinga e Mata Atlântica (Santiago *et al.* 2014; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.3.7 *Mucor* Fresen.

Espécies de *Mucor* formam colônias de crescimento rápido, com hifas cenocíticas, raramente septadas. Na maioria dos casos, os septos, quando observados, estão próximos às estruturas reprodutivas ou próximos às ramificações, nos esporangióforos. Os esporangióforos podem ser simples ou ramificados, sustentando esporângios não apofisados na porção apical. Esporangióolos são raros em espécies de *Mucor*, mas podem ser encontrados em alguns táxons (ex. *M. ctenidius*) (Pawłowska *et al.* 2013; Wagner *et al.* 2019; Walther *et al.* 2019). Estolões não são observados e rizoides são incomuns, como os observados em *M. luteus* Linnem. ex Wrzosek e *M. irregularis* Stchigel, Cano, Guarro & Ed. Álvarez. Em algumas espécies, os clamidosporos são abundantes (Stajich *et al.* 2009; Álvarez *et al.* 2011; Benny, 2013; Morin-Sardin *et al.* 2017). Os zigosporângios são sustentados por células suspensoras opostas e sem apêndices (Schipper, 1973; Benny *et al.* 2014).

Espécies de *Mucor* são encontradas nos mais diversos substratos, como o solo, excrementos de animais, plantas e frutas, e geralmente apresentam hábito sapróbio, mas podem infectar animais, incluindo humanos (Benny, 2008; Hermet *et al.* 2012; Hoffmann *et al.* 2013; Santiago *et al.* 2013b; Benny *et al.* 2014). Esses fungos são estrategistas ruderais, possuindo alto potencial de reprodução e dispersão que facilitam a sua disseminação, mesmo em condições limitadas de nutrientes (Morin-Sardin *et al.* 2016; Lima *et al.* 2018).

Várias espécies de *Mucor* (ex: *M. circinelloides* Tiegh., *M. hiemalis* Wehmer, *M. genevensis* Lendn., *M. racemosus* Fresen. e *M. variosporus* Schipper) são reconhecidas pela importância biotecnológica, como produtoras de enzimas (ex. proteases, xilanases, celulasas e poligalacturonases) e ácidos orgânicos (ex. linoleico, araquidônico, láctico e fúmarico) (Alves *et al.* 2002; Zhang & Zhao, 2010; Morin-Sardin *et al.* 2016; Voigt *et al.* 2016). Na indústria alimentícia, espécies de *Mucor* são utilizadas na produção de alguns alimentos fermentados asiáticos (ex. sufu, ragi, tempeh e mureha), como também na produção de queijos, melhorando

a qualidade, textura e sabor dos mesmos (Abe *et al.* 2004; Han *et al.* 2004; Zhang & Zhao, 2010; Morin-Sardin *et al.* 2016).

Algumas espécies de *Mucor* podem causar mucormicose em humanos (ex. espécies do complexo *M. circinelloides*, *M. ellipsoideus* E. Álvarez, Cano, Stchigel, Deanna A. Sutton & Guarro, *M. indicus* Lendn., *M. irregularis*, *M. plumbeus* Bonord., *M. racemosus* Fresen., *M. ramosissimus* Samouts., *M. variicolumellatus* L. Wagner & G. Walther). Embora a maioria dos relatos sejam de manifestações de mucormicose cutâneas, infecções invasivas e gastrointestinais foram reportadas (Hesseltine & Ellis, 1964; de Repentigny *et al.* 2008; Álvarez *et al.* 2011; Lu *et al.* 2013; Kumar *et al.* 2018; Wagner *et al.* 2019; Walther *et al.* 2019).

Schipper (1973, 1975, 1976, 1978) descreveu 39 espécies, quatro variedades e 11 formas de *Mucor* e delimitou o gênero em vários grupos de espécies: 1 – Grupo *Mucor mucedo*: espécies com longos esporangióforos não ramificados e esporângios frequentemente excedendo 200 µm diâm.; 2 – Grupo *Mucor flavus*: espécies com esporangióforos longos, ramificados simpodialmente e esporângios entre 80 µm a 200 µm diâm.; 3 – Grupo *Mucor hiemalis*: esporangióforos longos, com poucas ramificações simpodiais, esporângios até 80 µm diâm.; 4 – Grupo *Mucor racemosus*: esporangióforos repetidamente ramificados simpodialmente e esporângios não excedendo 80 µm diâm.; 5 – Grupo *Mucor amphibiorum*: esporangióforos longos, não ramificados, esporângios medindo entre 70 µm e 175 µm em diâm. Posteriormente, 17 espécies foram propostas por Mehrotra & Mehrotra (1978), Mirza *et al.* (1979), Subrahmanyam (1983), Chen & Zheng (1986), Schipper (1989), Schipper & Samson (1994), Watanabe (1994), Zalar *et al.* (1997), Pei (2000), Alves *et al.* (2002), Jacobs & Botha (2008), Álvarez *et al.* (2011), Hermet *et al.* (2012) e Madden *et al.* (2012).

As classificações mais expressivas para essas espécies foram realizadas com base na filogenia das regiões ITS e LSU rDNA. Walther *et al.* (2013), em uma revisão da ordem Mucorales, com base nas regiões ITS e LSU rDNA, delimitaram os táxons de *Mucor*, de acordo com análises filogenéticas, em cinco grandes grupos: *Mucor mucedo*, *M. flavus*, *M. hiemalis*, *M. racemosus* e *M. amphibiorum*. Esse trabalho serviu para elucidar algumas lacunas taxonômicas, não apenas para o gênero *Mucor*, mas para a ordem Mucorales. Adicionalmente, Walther *et al.* (2013) emendaram o gênero *Backusella* e transferiram sete espécies de *Mucor* para *Backusella* (*B. grandis*, *B. indica*, *B. oblongielliptica*, *B. oblongispora*, *B. recurva*, *B. tuberculispora* e *B. variabilis*) e sinonimizaram *B. ctenidia* com *M. ctenidius*. O gênero *Zygorhynchus* foi sinonimizado com *Mucor* e *Z. exponens* Burgeff, *Z. psychrophilus* Schipper & Hintikka, *Z. japonicus* Komin., *Z. macrocarpus* Y. Ling, *Z. moelleri* Vuill., *Z. californiensis* Hesselt., C.R. Benj. & B.S. Mehrotra e *Z. multiplex* R.Y. Zheng foram nomeadas: *M. exponens*

(Burgeff) G. Walther & de Hoog, *M. fusiformis* G. Walther & de Hoog, *M. japonicus* (Komin.) G. Walther & de Hoog, *M. megalocarpus* G. Walther & de Hoog, *M. moelleri* (Vuill.) Lendn. f. *moelleri*, *M. moelleri* f. *californiensis* (Hesselt., C.R. Benj. & B.S. Mehrotra) G. Walther & de Hoog e *M. multiplex* (R.Y. Zheng) G. Walther & de Hoog.

Wagner *et al.* (2019) combinaram estudos multi-locus (genes: CFS, MCM7, RPB1 e TSR1) com testes de acasalamento e estudos morfológicos de 95 amostras do complexo *Mucor circinelloides* e mais cinco espécies do grupo *Mucor racemosus*, que compartilhavam semelhanças morfológicas, e descreveram mais cinco espécies para o gênero: *M. amethystinus* L. Wagner & G. Walther, *M. atramentarius* L. Wagner & G. Walther, *M. pseudocircinelloides* L. Wagner & G. Walther, *M. pseudolusitanicus* L. Wagner & G. Walther e *M. variicolumellatus* L. Wagner & G. Walther.

Existem mais de 700 nomes relacionados com *Mucor* no Index Fungorum (<http://www.indexfungorum.org>). No entanto, de acordo com Wijayawardene *et al.* (2022), aproximadamente, 91 espécies são aceitas. Ressalta-se, que mesmo com os avanços em biologia molecular e análise filogenética, que permitem rápida caracterização taxonômica, desde os anos 2000, apenas cerca de 50 espécies de *Mucor* foram descritas, tendo seis delas sido isoladas no Brasil, nos domínios Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica: *M. caatinguensis* A.L. Santiago, C.A.F. de Souza & D.X. Lima, *M. circinatus* D.X. Lima, G. Walther & A.L. Santiago, *M. merdicola* C.A.F. de Souza & A.L. Santiago, *M. pernambucoensis* C.L. Lima, D.X. Lima & A.L. Santiago, *M. septatum* C.A.F. de Souza, T.R.L. Cordeiro & A.L. Santiago e *M. souzae* C.A. de Souza, D.X. Lima & A.L. Santiago (Walther *et al.* 2013; Li *et al.* 2016; Crous *et al.* 2018; de Souza *et al.* 2018; Lima *et al.* 2018; Uza *et al.* 2018; Wagner *et al.* 2019; Lima *et al.* 2020; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.3.8 *Rhizopus* Ehrenb.

As espécies de *Rhizopus* são caracterizadas pelo rápido crescimento em cultura, formando estolões no micélio aéreo e rizoides comumente opostos aos esporangióforos. Os esporangióforos podem ser simples ou ramificados e os esporângios são globosos com parede deliquescente (Schipper, 1984). As columelas exibem formas variadas, com apófise discreta, enquanto clamidosporos e células gigantes nem sempre estão presentes nas colônias (Zheng *et al.* 2007).

De acordo com Schipper (1984) e Schipper & Stalpers (1984), *Rhizopus* era formado por três grupos de espécies: grupo *R. microsporus* Tiegh. [*R. homothallicus* Hesselt. & J.J. Ellis, *R. microsporus* var. *chinensis* (Saito) Schipper & Stalpers, *R. microsporus* var. *microsporus*

Tiegh., *R. microsporus* var. *oligosporus* (Saito) Schipper & Stalpers e *R. microsporus* var. *rhizopodiformis* (Cohn) Schipper & Stalpers]; grupo *R. stolonifer* (Ehrenb.) Vuill. [*R. sexualis* var. *americanus* Hesselt. & J.J. Ellis, *R. sexualis* var. *sexualis* (G. Sm.) Callen, *R. stolonifer* var. *lyococcus* (Ehrenb.) Stalpers & Schipper, *R. stolonifer* var. *stolonifer* (Ehrenb.) Vuill. e o terceiro grupo referia-se à *R. oryzae* Went & Prins. Geerl. (= *R. arrhizus* A. Fisch.).

Zheng *et al.* (2007) e Liu *et al.* (2008) delimitaram dez espécies e nove variedades de *Rhizopus*: *R. americanus* (Hesselt. & J.J. Ellis) R.Y. Zheng, G.Q. Chen & X.Y. Liu, *R. arrhizus* (vars. *arrhizus*, *delemar* e *tonkinensis*), *R. caespitosus* Schipper & Samson, *R. homothallicus* Hesselt. & J.J. Ellis, *R. microsporus* (vars. *azygosporus*, *chinensis*, *microsporus*, *oligosporus*, *rhizopodiformis* e *tuberosus*), *R. niveus* M. Yamaz, *R. reflexus* Bainier, *R. schipperae* Weitzman, McGough, Rinaldi & Della-Latta, *R. sexualis* (G. Sm.) Callen e *R. stolonifer*.

Liu *et al.* (2008) realizaram análises filogenéticas do gene IGS rDNA e de repetições curtas em tandem STR e propuseram as seguintes modificações para o gênero: 1 – sinonimização de *R. arrhizus* var. *rouxii* (Calmette) J.J. Ellis com *R. arrhizus* var. *arrhizus*, 2 – sinonimização de *R. microsporus* var. *oligosporus* (*R. oligosporus*) com *R. arrhizus* var. *arrhizus*. Com base em sequências de ITS, IGS e pyrG, Liu *et al.* (2008) reduziram *R. tonkinensis* Vuill. para *R. arrhizus* var. *tonkinensis* (Vuill.) R.Y. Zheng & X.Y. Liu e *R. azygosporus* G.F. Yuan & S.C. Jong. para *R. microsporus* var. *azygosporus* (G. F. Yuan & S. C. Jong.) R.Y. Zheng, em concordância com o proposto por Zheng *et al.* (2007).

Abe *et al.* (2014) reagruparam as espécies com base em dados moleculares e análise filogenética de sequências da região ITS rDNA e dos genes actina (*act1*) e fator de alongamento 1 (EF-1), aplicando, portanto, o conceito de concordância genealógica para reconhecimento de espécies filogenéticas. De acordo com os resultados obtidos, dez espécies foram distinguidas com bases morfológicas: *R. caespitosus*, *R. delemar* (= *R. arrhizus* var. *delemar*), *R. homothallicus*, *R. microsporus*, *R. oryzae*, *R. reflexus*, *R. schipperae* e *R. stolonifer*.

Espécies de *Rhizopus* são capazes de produzir elevada variedade de enzimas, como amilases, lipases, proteases, carboidrases, endoglucanases, fitases, pectinases, fosfatases alcalinas e ácidas, poligalacturonases e xilases (Guimarães *et al.* 2006; Abe *et al.* 2007). Isolados de *R. microsporus* (= *R. oligosporus*) e *R. stolonifer* também foram reportados na produção de alimentos, principalmente os derivados de soja (ex. tempeh e meju) (Hong *et al.* 2012; Dolatabadi *et al.* 2013). Adicionalmente, espécimes de *R. microsporus* também foram reportados estabelecendo relação simbiótica com *Burkholderia* spp., essas últimas sendo endossimbiontes que produzem as rizoxinas, micotoxinas que permitem que esses espécimes causem doenças nas plantas (Partida-Martinez *et al.* 2005; 2007a,b).

Na medicina, espécies de *Rhizopus* foram relatadas com agentes causadoras de infecções rinocerebrais, pulmonares, doenças gastrointestinais ou disseminadas, sendo *R. arrhizus* e *R. microsporus* as mais comuns em casos de mucormicose. A predisposição para infecções desses fungos geralmente ocorre em pacientes debilitados, devido à cetoacidose diabética, transplante de células-tronco, neutropenia, transplante de órgãos, neoplasias hematológicas ou prematuridade do nascimento (Hyvernart *et al.* 2010; Skiada *et al.* 2011; Ibrahim *et al.* 2012; Lanternier *et al.* 2012; Dolatabadi *et al.* 2013).

Com base no Index Fungorum (www.indexfungorum.org), 148 nomes foram propostos para as espécies desse gênero e, desde o início dos anos 2000, apenas três novas espécies foram descritas [*R. americanus* (Hesselt. & J.J. Ellis) R.Y. Zheng, G.Q. Chen & X.Y. Liu, *R. koreanus* Hyang B. Lee & T.T.T. Nguyen e *R. lyococcus* (Ehrenb.) G.Y. Liou, F.L. Lee, G.F. Yuan & Stalpers] e duas foram sinonimizadas. Atualmente, 13 espécies de *Rhizopus* são aceitas (Abe *et al.* 2010; Li *et al.* 2016; Index Fungorum, 2020; Wijayawardene *et al.* 2022). No Brasil, apenas quatro espécies foram reportadas como sapróbias em solo e/ou folhedos da Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica, sendo essas: *R. arrhizus* (vars. *arrhizus* e *delemar*), *R. homothallicus*, *R. microsporus* e *R. stolonifer* (Lima *et al.* 2018; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.4 UMBELOPSIDALES SPATAFORA, STAJICH & BONITO

A ordem Umbelopsidales abriga espécies caracterizadas pela formação de esporângios com tons avermelhados ou ocráceos, bem como de columelas comumente com tamanho diminuto (Voigt *et al.* 2014; Tedersoo *et al.* 2018). Frequentemente, espécies dessa ordem podem ser encontradas em serrapilheira, solos rizosféricos ou como endófitos radiculares (Wang *et al.* 2013; Benny *et al.* 2016; Spatafora *et al.* 2016; Walsh *et al.* 2020). Os esporangióforos de Umbelopsidales geralmente apresentam afinamento apical e a porção basal é inflada. Esses esporangióforos se ramificam de forma verticilada ou cimosa (Voigt *et al.* 2014). A reprodução assexuada ocorre pela produção de esporangiosporos em esporângios e, por diferenciação de hifas, formam clamidosporos, com grande quantidade de conteúdo lipídico. A reprodução sexuada é desconhecida para os representantes de Umbelopsidales (Meyer & Gams, 2003; Spatafora *et al.* 2016; Tedersoo *et al.* 2018).

Umbelopsidales abriga duas famílias: Pygmaeomycetaceae E. Walsh & N. Zhang e Umbelopsidaceae W. Gams & W. Mey., que se diferenciam, principalmente, pela presença de microclamidosporos em Pygmaeomycetaceae, enquanto espécies de Umbelopsidaceae, geralmente, produzem esporângios (Walsh *et al.* 2020; Wijayawardene *et al.* 2022). No presente estudo, apenas espécies do gênero *Umbelopsis* foram relatadas para as áreas de brejo de altitude.

3.4.1 *Umbelopsis* Amos & H.L. Barnett

Representantes do gênero *Umbelopsis* produzem colônias velutinosas, baixas e densas, com esporangióforos surgindo diretamente do substrato e se ramificando em vesículas que se distribuem cimosamente ou umbeladamente. Os esporângios das espécies de *Umbelopsis* apresentam cores que variam do ocre ao vermelho e rosa, exceto *U. nana* e *U. isabellina*, que produzem esporângios hialinos, e as columelas geralmente apresentam tamanho diminuto ou são ausentes. Os esporangiosporos apresentam formas variadas de acordo com a espécie, e geralmente apresentam a mesma coloração que os esporângios (Meyer & Gams 2003; Wang *et al.* 2014; Yuan *et al.* 2020).

Umbelopsis Amos e H. L. Barnett, tipificado por *U. versiformis* Amos e H. L. Barnett, inicialmente foi classificado morfológicamente entre os deuteromicetos (Amos & Barnett, 1966). Posteriormente, Von Arx propôs que este gênero fosse classificado em Zygomycetes, em 1982. Desde 2003, as espécies de *Umbelopsis* foram acomodadas em Umbelopsidaceae Meyer & Gams, com base em sequências de ITS rDNA e dados de RFLP (Wang *et al.* 2014).

Industrialmente, espécies de *Umbelopsis* podem ser utilizadas na produção de biomoléculas com finalidade biotecnológica, como, por exemplo, a utilização de cepas de *U. isabellina* na produção de biodiesel ou de ácidos graxos poliinsaturados (Gardeli *et al.* 2017; Dourou *et al.* 2017; Papanikolaou *et al.* 2019). Cepas de *U. isabellina* também são capazes de produzir GLA e β -caroteno utilizando-se fubá como substrato, auxiliando na produção de um bioproduto de alto valor e alto teor de metabólitos, com custo reduzido (Slaný *et al.* 2020).

Atualmente, esse gênero compreende 23 espécies, dentre as quais apenas três foram reportadas no Brasil, como sapróbias em solos da Caatinga e Mata Atlântica: *U. heterosporus*, *U. isabellina* e *U. ramanianna* (de Souza, 2019; Yuan *et al.* 2020; Zheng *et al.* 2022; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.5 A FLORESTA SECA DO SEMIÁRIDO BRASILEIRO E AS FLORESTAS TROPICAIS ÚMIDAS

O semiárido brasileiro abrange, em maioria, florestas de clima seco e quente, estendendo-se entre os domínios Caatinga e Cerrado (Andrade & Dantas, 2020), compreendendo cerca de 982.563,3 km², e abrangendo 1.133 municípios, o que corresponde a 63% da área total do Nordeste e 11% do território nacional (Silva *et al.* 2010). No semiárido brasileiro, a temperatura média é elevada, geralmente variando entre 23 e 27 °C, com precipitações concentradas em um curto período, em média, de três a quatro meses por ano, totalizando 800 mm/ano. Áreas semiáridas do Brasil exibem elevadas taxas de

evapotranspiração (2.000 mm/ano), umidade relativa de aproximadamente 50%, além do índice de insolação de 2.800 horas/ano (Silva *et al.* 2010; Santos *et al.* 2014).

Embora apresente uma vegetação seca, de baixo porte, folhagem decídua, árvores com ramificações profusas e espinhosas, o semiárido possui grande diversidade de florestas vegetacionais e variabilidade florística, inclusive abrangendo disjunções de outros biomas que originaram áreas de exceção dentro do semiárido, refugindo a biota das florestas tropicais úmidas (Amazônica e Atlântica) no meio da floresta seca (Silva *et al.* 2010; Santos *et al.* 2014; Andrade & Dantas, 2020).

Estudos filogenéticos evidenciaram que a evolução da biota das florestas úmidas do Brasil foi marcada por períodos de extensão e retração, ocasionados por variações climáticas, de tal forma que as Florestas Atlântica e Amazônica foram interconectadas durante os períodos glaciais e interglaciais do Quaternário (Pleistoceno) (Tabarelli & Santos, 2004; Santos *et al.* 2007; Lima *et al.* 2018). Essas variações climáticas permitiram a criação de pontos isolados e fragmentados das florestas tropicais úmidas em áreas secas através da especiação alopátrica das espécies (Santos *et al.* 2007). Dessa forma, enclaves de florestas tropicais úmidas se estabeleceram em porções semiáridas dentro da Caatinga, ao longo de planaltos, chapadas e montanhas, com altitude variando de 600 a 1100 m, com índice pluviométrico de 1200 mm por ano (Tabarelli & Santos, 2004; Santos *et al.* 2007).

A Floresta Atlântica é uma das florestas tropicais mais heterogêneas e ricas em espécies do mundo, fazendo parte dos *hotspots* de biodiversidade mundial com alto grau de diversidade e endemismo (Myers *et al.* 2000; Pereira-Filho *et al.* 2020). Encontra-se distribuída entre a porção costeira brasileira que se estende desde o Rio Grande do Norte até o Rio Grande do Sul, formando unidades biogeográficas e fisionômicas distintas (Pereira Filho *et al.* 2017). Santos *et al.* (2007) estimaram que a Floresta Atlântica tenha coberto aproximadamente 1.500.000 km² do leste do Brasil, leste do Paraguai e nordeste da Argentina. No entanto, atualmente, apenas 8% da vegetação original permanece conservada, já que grande parte dessa vegetação vem sendo reduzida drasticamente devido às atividades antropogênicas (Santos *et al.* 2007; Lima *et al.* 2018). Segundo Joly *et al.* (2014) a Floresta Atlântica consiste em um conjunto de florestas que evoluíram após a separação dos continentes americano e africano e, por isso, a biota é composta por elementos do antigo supercontinente Gondwana. Atualmente, a floresta tropical úmida Atlântica é dividida nos seguintes tipos vegetacionais principais: Ombrófila Densa, Ombrófila Aberta, Ombrófila Mista, Semidecidual Sazonal e Decidual Sazonal (Joly *et al.* 2014; Lima *et al.* 2018; Pereira-Filho *et al.* 2020).

A Floresta Amazônica é a maior floresta tropical do mundo e sua área se estende por seis países sul-americanos: Brasil, Peru, Bolívia, Equador, Colômbia e Venezuela. No Brasil, a Floresta Amazônica ocupa 59% do território nacional e se estende pelos estados do Acre, Amapá, Amazonas, Mato Grosso, parte do Maranhão, Pará, Roraima, Rondônia e Tocantins. Embora não se conheça o valor exato de espécies de plantas encontradas no mundo, estima-se que 20% da biodiversidade de plantas seja proveniente da Floresta Amazônica, com aproximadamente 40 mil espécies catalogadas (Friede, 2020). A Floresta Amazônica se caracteriza por apresentar temperatura média em torno de 28 °C, durante períodos de seca, e 25 °C, em épocas chuvosas, com clima quente e úmido, alta pluviosidade e precipitação anual entre 2.000 e 2.200 mm/ano. A umidade relativa atinge em média 88%, nas estações chuvosas, e 77%, nas secas (Higuchi & Higuchi, 2012; Magnusson *et al.* 2016). A Floresta Amazônica é dividida em complexos vegetacionais de florestas de Várzea, Igapó e de Terra Firme (Higuchi & Higuchi, 2012; Veríssimo & Pereira, 2014; Friede, 2020).

Diante do exposto, pode se inferir que as florestas tropicais úmidas brasileiras representadas pelas florestas Amazônica e Atlântica, sendo separadas por vegetações abertas da Caatinga, Cerrado e Pantanal, originaram pontos de refúgio de sua vegetação em regiões distintas do seu território original (Tabarelli & Santos, 2004; Santos *et al.* 2007; Diogo *et al.* 2019).

3.6 ENCLAVES DE FLORESTAS ÚMIDAS BRASILEIRAS: BREJOS DE ALTITUDE

O Brasil é formado por diversas paisagens e variações vegetacionais. Essas figuras paisagísticas naturais formam os domínios morfoclimáticos (Amazônico, Cerrado, Mares dos Morros, Caatinga, Araucária, Pradarias e faixas de transição) e fitogeográficos (Amazônia, Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica, Pampa e Pantanal) do país, que apresentam heterogeneidade de espécies e estão diretamente relacionadas às condições ambientais desses ecossistemas naturais multivariados (IBGE, 2004; Ab'Sáber, 2012; IBGE, 2012). Dentro desses domínios, existem áreas de exceção, onde o clima, a vegetação, a topografia e a pluviosidade atuam diretamente, diferenciando a fisionomia da paisagem natural daquela presente em seu entorno (Ab'Saber *et al.* 2012). Essas áreas ou enclaves foram formados por eventos biogeográficos naturais que permitiram a migração de espécies através de corredores ecológicos durante expansões e retrações no período Quaternário (Pleistoceno) (Lima *et al.* 2018; Pereira-Filho *et al.* 2020). Esses corredores foram formados em momentos de redução na temperatura terrestre e, dessa forma, a camada de terra pôde se estender por locais que antes eram tomados pelos mares, os quais foram reduzidos a porções de gelo, confinando-se nos polos, formando os

conjuntos ecológicos e ilhas florestais em planaltos isolados e montanhas (Tabarelli *et al.* 2004; Freire, 2007; Lopes *et al.* 2008; Medeiro & Cestaro, 2019).

Pereira-Filho *et al.* (2020) definiram os brejos de altitude como disjunções ecológicas de florestas tropicais úmidas submontanas distribuídas na região semiárida do nordeste brasileiro. Também chamados matas serranas ou brejos nordestinos, os brejos de altitude abrigam elevada diversidade de espécies endêmicas dos domínios Amazônia, Caatinga e Mata Atlântica (Pereira-Filho *et al.* 2020). É importante salientar que o termo “brejo de altitude” se refere a um conceito geográfico, relacionado diretamente às mudanças de clima, vegetação, fauna e solo que ocorreram durante e resultantes de eventos geográficos, enquanto “matas serranas” é um termo restrito a um conceito botânico que se resume à vegetação resultante das mudanças no evento geográfico (Santos *et al.* 2014).

Estima-se que os brejos de altitude nordestinos apresentem uma cobertura de aproximadamente 18.500 km², distribuídas em 47 áreas dos estados: Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco, sendo formados por florestas úmidas caracterizadas como montanas ou submontanas, do tipo ombrófilas ou estacionais, localizadas em áreas com altas taxas de pluviosidade e umidade atmosférica (Tabarelli & Santos, 2004). Segundo Araújo-Filho *et al.* (2000), os brejos de altitude estão localizados em regiões de elevação superior a 700 m e que podem chegar a 1200 m. As condições ambientais encontradas nesses refúgios de florestas úmidas são diferentes das condições em seu entorno, que tende a apresentar características de aridez. Diante desse pressuposto, os locais de refúgios ecológicos possuem a biota referente aos domínios de florestas úmidas, além de espécies resultantes do processo de especiação, que se estabeleceram dentro da Caatinga, formando manchas florestais em locais onde as condições ambientais permitem o estabelecimento dessas espécies (Araújo-Filho *et al.* 2000; Santos *et al.* 2014).

As análises da biota florística dos brejos apontam a existência de dois grupos definidos pelas mesorregiões em que estão situados. O primeiro grupo é relacionado à Floresta Atlântica (brejos de altitude situados na mesorregião do Agreste) e o segundo grupo é intimamente relacionado às formações de florestas secas e xerofíticas da Caatinga (situadas no interior do estado, na mesorregião dos Sertões) (Rodal *et al.* 2008a,b).

Lima *et al.* (2018) testaram a distribuição de fungos poróides em florestas úmidas neotropicais relacionadas com os domínios morfoclimáticos. As análises foram baseadas em dados obtidos por análise da matriz de dissimilaridade (Índice de Jaccard), análise de parcimônia de endemidade e escalonamento multidimensional não-métrico. O agrupamento resultante das análises mostrou que, com relação aos fungos poróides, os brejos de altitude

nordestinos são ecorregiões diferentes da Amazônia, bem como das florestas Atlântica do Norte e Sul do Brasil, embora essa micobiota tenha sido mais próxima à observada nas Florestas Amazônica e Atlântica do Norte do que a verificada na Floresta Atlântica encontrada no sul do país. Essa análise sugeriu que houve uma transação biótica no passado que permitiu a conexão entre as duas maiores florestas úmidas brasileiras por meio de um corredor ecológico onde hoje reside a Caatinga. Diante do pressuposto, esses autores mostraram que as espécies de fungos poroides dos brejos de altitude foram fortemente influenciadas pelas florestas tropicais úmidas brasileiras durante o seu processo geológico de formação, embora as comunidades da fauna, flora e funga formem atualmente uma biota distinta de ambas as florestas.

3.7 A INFLUÊNCIA DOS GRADIENTES DE ALTITUDE EM ECOSSISTEMAS TERRESTES DE FUNGA

A formação dos ecossistemas sofre influência das variações no relevo, tipo de solo, mudanças vegetacionais, clima, umidade, radiação solar e pela topografia (Wahl *et al.* 2016; Vieira *et al.* 2019a). Köner (2007) destacou que a altitude é um fator extremamente importante que mostra a heterogeneidade em pequenas escalas geográficas. Essa variação entre as comunidades biológicas nos gradientes de altitude é nitidamente afetada pelas propriedades dos solos, como temperatura, densidade, porosidade, fluxos de água e ar, capacidade de troca iônica, composição de nutrientes, quantidade de matéria orgânica e pH, que influenciam a diversidade e riqueza de organismos, como também a composição e a distribuição espacial das espécies. De modo geral, essas mudanças na biota, ao longo dos gradientes altitudinais, podem ser constatadas com base na diversidade e riqueza de espécies, servindo como parâmetros para entender o funcionamento dos ecossistemas e averiguar o comportamento da biota nesses habitats (Condit *et al.* 2002).

As pequenas variações de distâncias geográficas em montanhas, criam ambientes com diferentes composições florísticas, clima, solo e relevo. Essas variações espaciais, juntamente com a topografia e o aumento da altitude das áreas, possuem efeito direto sob as massas de ar dos ambientes, determinando a disposição das chuvas orográficas e a intensidade pluviométrica dos habitats. As mudanças espaciais associadas às variáveis do solo (umidade, temperatura, fertilidade, acidez e textura), temperatura do ambiente e a cobertura vegetal, exercem influência na heterogeneidade ambiental, alterando a composição e estrutura das comunidades, como também, a distribuição das espécies, formando assim ecossistemas únicos (Viana *et al.* 2013; Maçaneiro *et al.* 2016; Santos *et al.* 2020).

Para fungos, poucos estudos sobre a composição e diversidade entre gradientes altitudinais são conhecidos. Widden (1987) mostrou que as condições ambientais ao longo dos gradientes de elevação influenciam as comunidades de fungos. O autor relacionou as variações da temperatura e pH e a composição nutricional do solo (níveis de K, Ca e Mg), como principais fatores atuantes sobre a abundância dos fungos no Norte da Inglaterra.

Coutinho *et al.* (2015) reportaram diferença na composição das comunidades de FMA em gradientes altitudinais da Serra do Cipó, Minas Gerais. Essas comunidades foram nitidamente afetadas pelas variantes ambientais: pH, K, Al, acidez potencial ($H + Al$), capacidade de troca catiônica efetiva (t), saturação de alumínio (m), capacidade de troca catiônica (T), saturação de base (V), matéria orgânica (MO), areia fina (FS), silte e argila (CL). O número total de espécies de FMA variou entre os gradientes altitudinais, pode-se destacar que as altitudes intermediárias 1100 m e 1200 m foram caracterizadas como as mais ricas quanto o número de espécies de FMA do que os demais gradientes analisados pelos autores (800, 900, 1000, 1300 e 1400 m).

Variação na composição das comunidades de FMA também foi reportada por Vieira *et al.* (2019a,b), na Serra das Almas, Chapada Diamantina, Bahia, considerando a heterogeneidade de habitats em diferentes gradientes de altitude. Segundo os autores, a textura do solo, quantidade de matéria orgânica, o pH e os nutrientes do solo (P, Cu, Fe, Mn, K, Al e Ca), bem como as fisionomias vegetais presentes em cada altitude, influenciaram na distribuição de FMA entre os gradientes altitudinais. Chaudhary *et al.* (2017) também verificaram que a textura do solo influencia diretamente na estrutura da comunidade de FMA em áreas montanhosas tropicais e temperadas.

Trabalhos para verificação da funga são escassos, mais especificamente com relação aos fungos zigospóricos, em diferentes gradientes de altitude de refúgios ecológicos de florestas tropicais úmidas do Nordeste brasileiro. Apenas o trabalho de Lundgren (2021) reporta a influência das comunidades de fungos zigospóricos em relação a altitude, por isso, torna-se importante investigar, conhecer e divulgar os dados micológicos para essas áreas. É possível que os ecossistemas encontrados em diferentes altitudes, em áreas tropicais, abriguem uma funga ainda desconhecida (Hawksworth & Lücking, 2017; Lima *et al.* 2018), sendo os dados ecológicos gerados a partir de estudos sobre a funga nesses ecossistemas, fundamentais para futuras ações de manutenção ecológica das áreas estudadas e de conservação dos fungos.

3.8 MUCOROMYCOTA NO BRASIL

Os estudos sobre fungos no Brasil, principalmente com relação ao filo Mucoromycota, são raros. Estima-se que apenas 5.267 espécies de fungos *strictu sensu* tenham sido reportadas para o país, dentre as quais apenas 73 pertencem à ordem Mucorales, estando distribuídas em 19 gêneros: *Absidia*, *Apophysomyces*, *Backusella*, *Circinella*, *Cunninghamella*, *Gilbertella*, *Gongronella*, *Isomucor*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Mycotypha*, *Parasitella*, *Phycomyces*, *Pilaira*, *Pilobolus*, *Poitrasia*, *Rhizopus*, *Syncephalastrum* e *Thamnostylum*. Apenas três espécies pertencentes à ordem Umbelopsidales e uma única espécie de Endogonales foram reportadas para o Brasil (Goto & Maia, 2006; Flora e Funga do Brasil, 2023).

Até o presente, 63 espécies da ordem Mucorales foram reportadas em áreas de Floresta Atlântica, com 20 relatos para Caatinga e 16 para o Cerrado (Flora e Funga do Brasil, 2023). Para os brejos de altitude nordestinos, 60 espécies foram isoladas do solo (Santiago *et al.* 2013a; Alves, 2016; Alves *et al.* 2017; Tibpromma *et al.* 2017; Crous *et al.* 2018; de Souza *et al.* 2018; de Lima, 2018; Crous *et al.* 2019; de Souza, *et al.* 2020; Cordeiro *et al.* 2020; Lima *et al.* 2020a,b; Lundgren 2021; de Lima *et al.* 2021; Leitão *et al.* 2021; Cordeiro *et al.* 2022; de Lima *et al.* 2022; Cordeiro *et al.* 2023).

Trufem (1981a,b) reportou *Absidia cylindrospora* Hagem, *A. pseudocylindrospora* Hesselt. & J.J. Ellis, *A. repens* Tiegh., *A. spinosa* var. *biappendiculata* Rall & Solheim, *Circinella angarensis* (Schostak.) Zycha, *C. muscae* (Sorokín) Berl. & De Toni, *C. rigida* G. Sm., *C. simplex* Tiegh., *C. bainieri* Naumov, *Cunninghamella echinulata* (Thaxt.) Thaxt. ex Blakeslee, *C. elegans* Lendn., *Gongronella butleri* (Lendn.) Peyronel & Dal Vesco, *Mucor corticola* Hagem, *M. fuscus* Bainier, *M. fragilis* Bainier, *M. genevensis* Lendn., *M. heterosporus* A. Fisch., *M. hiemalis* Wehmer, *M. mousanesis* Baijal & B.S. Mehrotra, *M. piriformis* A. Fisch., *M. odoratus* Treschew e *M. suhagiensis* M.D. Mehrotra, *Rhizopus arrhizus* A. Fisch. (como *R. oryzae* Went & Prins. Geerl.) e *R. stolonifer* (Ehrenb.) Vuill. (como *R. nigricans* Ehrenb.) em solos da Mata Atlântica do estado de São Paulo.

Schoenlein-Crusius *et al.* (1997) reportaram *M. hiemalis*, *M. circinelloides* Tiegh., *M. silvaticus* Hagem [como *M. hiemalis* f. *silvaticus* (Hagem) Schipper], *R. arrhizus*, *R. oligosporus* Saito e *M. japonicus* (Komin.) Walther & de Hoog (como *Z. japonicus* Komin) em folhedos, solos e água da Mata Atlântica, em um estudo realizado na Reserva Biológica do Alto da Serra de Paranapiacaba, Santo André, São Paulo.

Alves *et al.* (2002) reportaram *M. circinelloides* Tiegh., *M. griseocyanus* (Hagem) Schipper, *M. jansseni* (Lendn.) Schipper, *M. lusitanicus* (Bruderl.) Schipper, *M. hiemalis*

Wehmer, *M. luteus* Linnem. ex Schipper, *M. genevensis* Lendn., *M. piriformis* A. Fisch., *M. piriformis* M.H. Alves & Trufem, *M. racemosus* (Neophyt.) Schipper, *M. subtilissimus* Oudem. e *M. variosporus* Schipper em fezes de herbívoros do Parque Dois Irmãos, Recife Pernambuco.

De Souza (2006) isolou *A. cylindrospora* var. *cylindrospora*, *C. phaeospora* Boedijn, *M. bainieri* B.S. Mehrotra & Baijal, *M. circinelloides*, *M. lusitanicus*, *M. jansseni*, *Mucor hiemalis*, *M. luteus*, *M. racemosus*, *R. arrhizus*, *Zygorhynchus moelleri* Vuill. de amostras de solo contaminado com metais pesados, na região do polo cerâmico de Santa Gertrudes, São Paulo.

Schoenlein-Crusius *et al.* (2006), em um levantamento da riqueza de fungos microscópicos, em áreas próximas a complexos industriais no município de Cubatão (São Paulo), isolaram a partir de amostras de solo e serapilheira, 40 espécies de Mucorales distribuídas nos gêneros: *Absidia*, *Backusella*, *Circinella*, *Cunninghamella*, *Mucor*, *Parasitella*, *Poitrasia*, *Rhizomucor* e *Rhizopus*. Os autores relataram *M. amphibiorum* Schipper, *M. prayagensis* Mehrotra & Nand ex Schipper e *Parasitella parasitica* (Bain.) Syd. como novas ocorrências para o Brasil.

Santiago *et al.* (2007, 2008) registraram para o neotrópico as primeiras ocorrências de *Gilbertella persicaria* (E.D. Eddy) Hesselt e *Mucor guilliermondii* Nadson & Philippov. Os táxons foram isolados de excrementos de herbívoros da Reserva Ecológica de Dois Irmãos, no Recife.

Cavalcante (2010) reportou, nas cidades de Belém de São Francisco, Caruaru e Serra Talhada, a ocorrência de 32 táxons de Mucoromycota distribuídos em sete espécies e cinco variedades: *A. cylindrospora*, *C. bertholletiae*, *C. blakesleeana*, *C. echinulata* var. *antarctica*, *C. echinulata* var. *echinulata*, *C. elegans*, *Fennellomyces linderi*, *Gilbertella persicaria*, *R. arrhizus* var. *arrhizus*, *R. microsporus* (como *R. microsporus* var. *chinensis* e como *R. microsporus* var. *rhizopodiformis*), e Santiago & Maia (2010) registraram *Mycotypha microspora* Fenner como primeira ocorrência em solos do Brasil, durante um estudo realizado em Belém de São Francisco (Pernambuco).

De Souza *et al.* (2011), em estudos sobre composição taxonômica de zygomycetes no Cerrado brasileiro, reportou táxons de *Absidia*, *Backusella*, *Circinella*, *Conidiobolus*, *Cunninghamella*, *Mucor*, *Piptocephalis*, *Rhizopus* e *Zygorhynchus*, provenientes de amostras de solo da Reserva Biológica de Mogi Guaçu, em São Paulo.

De Souza *et al.* (2012) descreveram, pela primeira vez, *Isomucor* I. Souza, Pires-Zottar. & Harakava, com *I. trufemiae* J.I. Souza, Pires-Zottar. & Harakava isolada do solo do Cerrado. Dois anos após, de Souza *et al.* (2014) também verificaram a presença de fungos zigospóricos

da Reserva Biológica de Mogi Guaçu no Estado de São Paulo, e publicaram uma nova espécie de *Backusella*, *B. gigacellularis*.

Oliveira *et al.* (2013) relataram oito espécies de Mucorales no solo do Parque Nacional do Catimbau: *A. cylindrospora*, *C. blakesleeana*, *C. vesiculosa* P.C. Misra, *G. butleri*, *M. fuscus*, *R. microsporus*, *R. arrhizus* e *S. racemosum*. Na mesma área de estudo, Lima (2016) isolou 13 táxons de Mucorales no solo de áreas naturais e degradadas e 11 espécies em excrementos de herbívoros, distribuídos entre os gêneros *Absidia*, *Circinella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Pilobolus*, *Rhizopus* e *Syncephalastrum*.

Santiago *et al.* (2014a) descreveram *Lichtheimia brasiliensis*, espécie isolada dos solos de Araripina, Pernambuco e Mataraca, Paraíba. Anteriormente, Santiago *et al.* (2013a) isolaram 19 táxons de Mucorales, distribuídos entre *Absidia*, *Apophysomyces*, *Cunninghamella*, *Fennellomyces*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Mycotypha*, *Rhizopus* e *Syncephalastrum*, nos solos dos municípios de Belém de São Francisco, Cabrobó e Triunfo. *Apophysomyces elegans* P.C. Misra, K.J. Srivast. & Lata e *Mycotypha microspora* Fenner foram reportadas pela primeira vez para o Brasil.

Cordeiro (2014) identificou *A. cylindrospora* var. *cylindrospora*, *A. cylindrospora* var. *nigra*, *A. pseudocylindrospora*, *C. blakesleeana*, *C. echinulata*, *C. elegans*, *M. hiemalis*, *M. luteus*, *R. arrhizus* var. *arrhizus*, *R. stolonifer* e *S. racemosum*, distribuídas entre os solos de Apodi, Parque Nacional da Fuma Feia no Rio Grande do Norte, Parque Nacional da Serra das Confusões no Piauí, na Reserva Particular do Patrimônio Natural Não Me Deixes, em Quixadá e de uma área em Quixeré, no Ceará.

Santiago, De Souza & Lima descreveram *Mucor caatinguensis* A.L. Santiago, C.A.F. de Souza & D.X. Lima e *M. merdicola* C.A.F. de Souza & A.L. Santiago, ampliando o conhecimento sobre a riqueza de espécies desse filo em ecossistemas semiáridos do Brasil (Li *et al.* 2016), e no mesmo ano, Santiago, Lima e De Souza descreveram *Cunninghamella gigacellularis* A.L. Santiago, C.L. Lima & C.A. de Souza, proveniente de amostras de solo do município de Itambé, Pernambuco (Hyde *et al.* 2016).

Lima *et al.* (2016) descreveram *Backusella constricta*, isolada de um fragmento de Mata Atlântica, Reserva Ecológica de Dois Irmãos, no Recife. Em 2017, Lima *et al.* (2017) descreveram, pela primeira vez, *Mucor circinatus* D.X. Lima, G. Walther & A.L. Santiago isolado do solo na Reserva Biológica de Saltinho, em Tamandaré, Pernambuco.

Lima *et al.* (2019), em um estudo sobre aspectos ecológicos de Mucorales de solos de Mata Atlântica do litoral de Pernambuco, realizado na Reserva Ecológica Dois Irmãos e Reserva Biológica de Saltinho, reportou 23 espécies de Mucorales distribuídas entre *Absidia*,

Backusella, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Rhizopus* e *Syncephalastrum*. Em 2020, Lima *et al.* (2020) descreveram duas novas espécies de *Absidia*, *A. pernambucoensis* D.X. Lima, C.M. Souza-Motta & A.L. Santiago e *A. cornuta* D.X. Lima, C.A. de Souza, H.B. Lee & A.L. Santiago, isoladas dos solos de Tamandaré e Garanhuns, respectivamente.

Freitas *et al.* (2020) propuseram a nova espécie, *Gongronella pedratalhadensis*, isolada do solo da Floresta Atlântica da Reserva de Pedra Talhada, Quebrangulo, Alagoas, e uma nova chave de identificação foi apresentada para o gênero. Em 2022, Freitas *et al.* (2022) publicaram a descrição de *A. variicolumellata*, isolada do solo da Reserva Ecológica do Parque Nacional e Histórico do Monte Pascoal na Bahia.

Como relação à ordem Endogonales, Goto & Maia (2006) reportaram a ocorrência de *Peridiospora tatachia* na rhizosfera de *Passiflora alata*, isolada no município de Limoeira, Pernambuco.

Embora 23 espécies de *Umbelopsis* sejam conhecidas, apenas três foram reportadas no Brasil, como sapróbias em folhedos e solos da Caatinga e Mata Atlântica. Bezerra *et al.* (2018) registraram a ocorrência de *Umbelopsis isabelina*, como fungo endofítico, em folhas de *Tillandsia catimbauensis* (Bromeliaceae), coletadas no Parque Nacional do Catimbau, Buíque, Pernambuco. De Souza (2019) reportou a ocorrência de *U. ramanianna* no solo do brejo de altitude da Serra do Bituri, localizado na cidade Brejo da Madre de Deus, em Pernambuco. Um ano depois, de Souza publicou *U. heterosporus* proveniente do solo do mesmo brejo supracitado (Yuan *et al.* 2020; Flora e Funga do Brasil, 2023).

3.9 MUCOROMYCOTA EM BREJOS DE ALTITUDE

O conhecimento dos fungos zigospóricos em brejos de altitude teve início há uma década, e, até 2022, foram registradas 60 espécies distribuídas em 10 gêneros, incluindo espécies novas, raras e primeiras ocorrências (Santiago *et al.* 2013a; Alves, 2016; Alves *et al.* 2017; Tibpromma *et al.* 2017; Crous *et al.* 2018; de Souza *et al.* 2018; Lima *et al.* 2018; Crous *et al.* 2019; Cordeiro *et al.* 2020; de Souza *et al.* 2020; Lima *et al.* 2020a,b; de Lima *et al.* 2021; Leitão *et al.* 2021; Cordeiro *et al.* 2022; de Lima *et al. et al.* 2022; Cordeiro *et al. et al.* 2023).

Alves (2016) isolou 13 táxons de Mucorales de solo no brejo da Serra dos Cavalos, distribuídos entre *Absidia*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Mucor* e *Rhizopus*. A mesma autora reporta 21 táxons de Mucorales no brejo da Serra de Jenipapo, distribuídos entre os mesmos gêneros, além de 16 táxons de *Absidia*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Lichtheimia* e *Rhizopus* para o brejo de Serra Negra. Um ano depois, Alves *et al.* (2017) reportaram a primeira ocorrência de *C. clavata* para o Brasil.

De Souza *et al.* (2017) descreveram pela primeira vez *Mucor septatum* C.A.F. de Souza, T.R.L. Cordeiro & A.L. Santiago, o qual foi isolado do solo da Serra do Bituri, Brejo da Madre de Deus, Pernambuco. Um ano depois, *M. souzae* C.A. de Souza, D.X. Lima & A.L. Santiago foi proposto, isolado do brejo de altitude de Triunfo (Crous *et al.* 2018).

De Lima *et al.* (2018) descreveram a nova espécie, *Mucor pernambucoensis* C.L. Lima, D.X. Lima & A.L. Santiago, isolado do solo de um brejo de altitude da cidade de Bonito, Pernambuco, e de Lima *et al.* (2020) reportaram a segunda ocorrência de *Isomucor trufemie* J.I. de Souza, Pires-Zottarelli & Harakava no país e a primeira ocorrência dessa espécie para o Nordeste.

De Souza (2019) isolou 45 táxons de fungos zigospóricos no solo de três brejos espalhados no estado de Pernambuco. Na Serra do Bituri, foram isolados 28 táxons entre *Absidia*, *Backusella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Mortierella*, *Mucor*, *Rhizopus* e *Umbelopsis*. Do solo do brejo de Taquaritinga do Norte, 28 táxons de *Absidia*, *Actinomucor*, *Backusella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Mortierella*, *Mucor* e *Rhizopus* foram identificados, enquanto 19 táxons de *Absidia*, *Actinomucor*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Lichtheimia*, *Mortierella*, *Mucor*, *Rhizopus* e *Syncephalastrum* foram obtidos do solo do brejo do Sítio Carro Quebrado, Triunfo.

Em 2019, *Backusella azygospora* T.R.L. Cordeiro, Hyang B. Lee & A.L. Santiago foi descrita como uma nova espécie, isolada do brejo de altitude da RPPN Fazenda Brejo em Saloá, Pernambuco (Crous *et al.* 2019). Um ano depois, Cordeiro *et al.* (2020) isolaram e descreveram duas novas espécies de *Absidia*: *A. saloensis* T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago e *A. multispora* T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago, isoladas do solo da mesma área.

De Souza *et al.* (2020) reportaram a ocorrência de *M. variicolumellatus* L. Wagner & G. Walther para a região Neotropical, tendo sido isolada de amostras de solo do brejo de altitude de Taquaritinga do Norte.

De Lima *et al.* (2021) descreveram a espécie *A. bonitoensis*, isolada do solo do brejo de altitude de Bonito, Pernambuco. No mesmo ano, Leitão *et al.* (2021) publicaram a descrição de *A. aguabelensis*, isolada do brejo de altitude da Serra do Comunaty em Águas Belas, Pernambuco.

Cordeiro *et al.* (2022) reportaram a primeira ocorrência de *A. pararepens* no Brasil. O espécime foi isolado do solo da RPPN Reserva Natural Brejo localizada na cidade de Saloá, Pernambuco. Nesse mesmo ano, de Lima *et al.* (2022) descreveram *B. brasiliensis*, isolada do solo do brejo de altitude de Mimoso e *B. obliqua* isolada do solo da Serra do Comunaty, em

Águas Belas – PE. Cordeiro *et al.* (2023) descreveram *B. pernambucensis*, isolada do solo brejo de altitude de Taquaritinga do Norte.

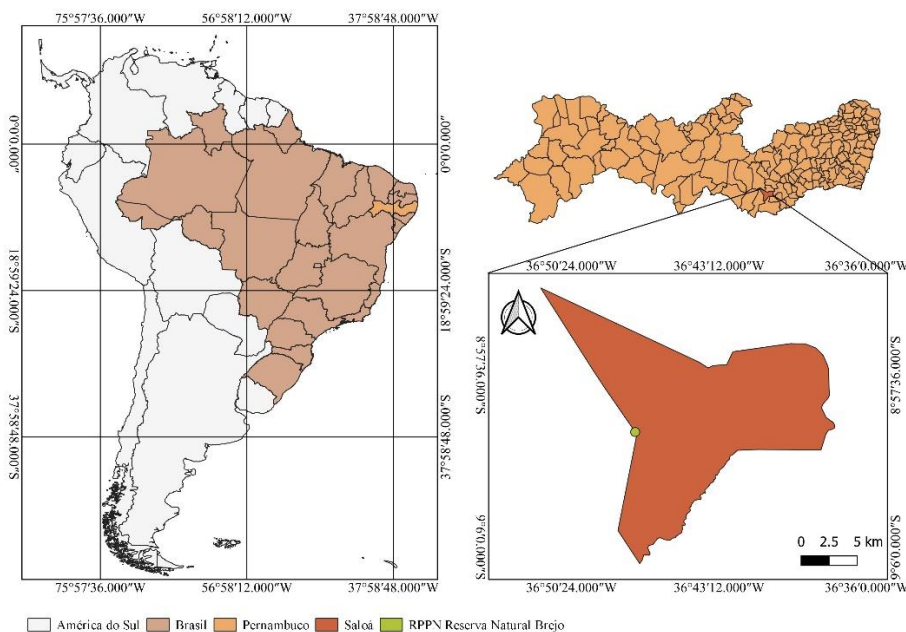
4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 ÁREAS DE ESTUDO

4.1.1 RPPN Reserva Natural Brejo

A RPPN Reserva Natural Brejo está localizada na cidade Saloá, Agreste Meridional do estado de Pernambuco (08°57'S 36°42'W) (Figura 1). O clima é tropical chuvoso, com verão seco, e a temperatura média anual é de 20° C. A estação chuvosa se inicia em janeiro/fevereiro, com término em setembro/outubro e a precipitação, nos meses mais secos, varia de 0 a 50 mm e, nos mais chuvosos, de 50 a 100 mm. A RPPN Reserva Natural Brejo está localizada no ponto mais alto da cidade de Saloá, com altitude de até 1.322 metros. A vegetação é predominante de espécies de Florestas Ombrófila e Semidecídua. Em altitudes acima de 900 m, foi registrada a ocorrência de espécies típicas de campo rupestre, cerrado e caatinga. Com o aumento da altitude, a composição da vegetação tende a ser modificada, sendo encontradas áreas compostas por serapilheira, vegetação de porte arbustivo, gramíneas, herbáceas e arbustos. O solo apresenta característica podzolítica, com áreas argilosas ou com presença de blocos graníticos (Silva Júnior *et al.* 2012).

Figura 1 – Localização do Município de Saloá, Pernambuco.

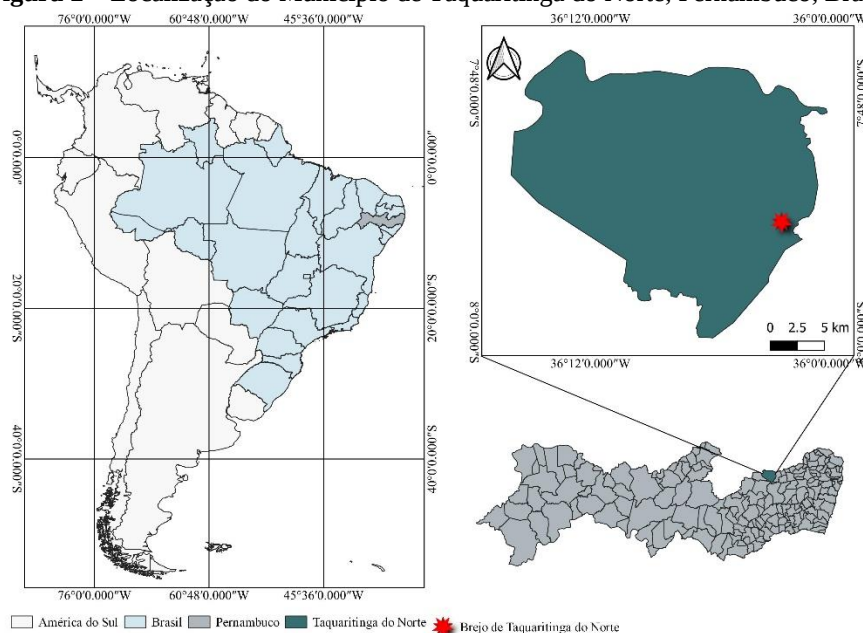


Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

4.1.2 Brejo de Taquaritinga do Norte

O brejo de Taquaritinga do Norte localiza-se na cidade que recebe o mesmo nome, estando localizado no Agreste do estado de Pernambuco, na microrregião do Alto Capibaribe (07°55'S, 036°02'W) (Figura 2). Esse brejo apresenta uma área aproximada de 59 km² e se caracteriza por um conjunto de elevações com relevo suave ondulado a forte ondulado, com declives, às vezes, acentuados, e altitude até 1.070 metros. O clima é do tipo tropical chuvoso, com verão seco e temperatura média de 18°C. A estação chuvosa inicia-se em janeiro/fevereiro, com término em setembro, podendo adiar-se até outubro. A precipitação varia de 0 a 60 mm, nos meses mais secos, e, nos mais chuvosos, de 80 a 115 mm. A vegetação original é predominantemente composta por Florestas Subcaducifólia e Caducifólia, ocorrendo, nas porções mais altas, Floresta Subperenifólia. A cobertura pedológica está representada, principalmente, por solos das classes dos argissolos vermelho-amarelos e latossolos, ocorrendo pequenas áreas de neossolos litólicos, neossolos flúvicos, gleissolos e afloramentos rochosos (MME, 2005; Rodrigues *et al.* 2008; Climadate-Org, 2017).

Figura 2 – Localização do Município de Taquaritinga do Norte, Pernambuco, Brasil.



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

4.2 DADOS PLUVIOMÉTRICOS

Os dados de precipitação pluviométrica dos meses de coleta foram obtidos pela Agência Pernambucana de Águas e Clima (APAC) (<https://www.apac.pe.gov.br/>).

4.3 COLETAS DE SOLO

Foram realizadas seis expedições para coleta de solo, em cada um dos brejos supracitados, durante as épocas seca e chuvosa. Em cada área, cinco quadrantes de 25 m² (5 x 5 m) foram distribuídos aleatoriamente, respeitando-se a distância mínima de 10 m entre os mesmos, em cada um dos três gradientes altitudinais de cada brejo (800, 900 e 1000 m). Em cada quadrante, foram coletadas cinco subamostras de solo, em pontos equidistantes, a uma profundidade de 5 cm, totalizando 75 subamostras de solo para cada área, por coleta. As amostras foram acondicionadas em sacos plásticos esterilizados, conservadas em caixas de isopor com gelo e transportadas para o Laboratório de Fungos Zigospóricos do Departamento de Micologia da UFPE.

No laboratório, foram homogeneizados volumes iguais das cinco subamostras de cada quadrante, de cada um dos gradientes de altitude, originando uma amostra composta por quadrante, totalizando cinco amostras compostas por gradiente e quinze amostras compostas por área de coleta, em cada excursão.

4.4 ANÁLISE FÍSICO-QUÍMICA DO SOLO

Para análise físico-química, amostras de solo (500 g) foram enviadas ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA). As amostras provenientes de uma coleta de solo, em cada área, foram analisadas quanto ao potencial hidrogeniônico (pH), concentrações de Fósforo (P), Cálcio (Ca), Magnésio (Mg), Sódio (Na), Potássio (K), Alumínio (Al), Hidrogênio (H), bem como, a soma de bases (SB), a capacidade de troca catiônica (CTC), a saturação por bases (V%) e a saturação por alumínio (m%) (Tabelas 1 e 2). Para verificação das temperaturas do solo de cada umas das amostras em cada uma das altitudes dos brejos de altitudes analisados, foi utilizado um termômetro de solo durante o momento da coleta (Tabelas 3 e 4).

Tabela 1 – Variáveis do solo coletado em três gradientes de altitude, no brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, Saloá, Pernambuco. ALT 1: altitude 1; ALT 2: altitude 2; ALT 3: altitude 3; 1–5: pontos de coleta das amostras.

Altitude	Amostra	pH	P	Ca	Mg	Na	K	Al	H	SB	CTC	V%	m%
ALT 1	1	7,40	68,00	3,00	1,70	0,19	2,00	0,00	2,47	6,90	9,40	74,00	0,00
	2	7,35	68,00	3,00	1,75	0,19	2,10	0,00	2,43	7,04	10,60	70,00	0,00
	3	7,40	66,00	3,02	1,72	0,16	2,05	0,00	2,40	6,95	10,20	73,00	0,00
	4	7,25	63,00	3,04	1,70	0,18	2,02	0,00	2,56	6,94	9,60	70,00	0,00
	5	7,60	67,00	3,01	1,70	0,19	2,05	0,00	2,55	6,95	9,80	74,00	0,00
ALT 2	1	5,70	62,00	5,20	1,10	0,15	0,37	0,05	4,81	6,82	11,70	58,00	1,00
	2	5,60	61,00	5,24	1,12	0,17	0,40	0,05	4,86	6,93	11,50	56,00	1,00
	3	5,75	65,00	5,29	1,12	0,15	0,42	0,05	4,90	6,98	11,20	58,00	1,00
	4	5,63	64,00	5,18	1,10	0,15	0,33	0,05	4,78	6,76	11,90	58,00	1,00

	5	5,74	62,00	5,20	1,10	0,16	0,37	0,05	4,86	6,83	11,40	57,00	1,00
ALT 3	1	5,80	14,00	3,30	1,10	0,04	0,30	0,05	4,90	4,74	9,70	49,00	1,00
	2	5,75	15,00	3,32	1,10	0,05	0,32	0,05	4,96	4,79	9,80	49,00	1,00
	3	5,86	12,00	3,35	1,10	0,05	0,41	0,05	4,84	4,91	9,60	49,00	1,00
	4	5,40	14,00	3,30	1,10	0,04	0,30	0,05	4,90	4,74	9,60	47,00	1,00
	5	5,84	14,00	3,32	1,10	0,03	0,33	0,05	4,90	4,78	9,70	49,00	1,00

Cordeiro, T.R.L. (2023).

Tabela 2 – Variáveis do solo coletado em três gradientes de altitude, no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte, Taquaritinga do Norte, Pernambuco. ALT 1: altitude 1; ALT 2: altitude 2; ALT 3: altitude 3; 1–5: pontos de coleta das amostras.

Altitude	Amostra	pH	P	Ca	Mg	Na	K	Al	H	SB	CTC	V%	m%
ALT 1	1	4,60	8,00	1,00	1,00	0,14	0,60	1,50	13,67	2,74	17,90	15,00	35,00
	2	4,65	8,00	1,05	1,00	0,12	0,54	1,50	13,58	2,71	17,10	14,00	35,00
	3	4,60	7,00	1,05	1,00	0,10	0,56	1,60	13,50	2,71	18,20	15,00	35,00
	4	4,60	7,00	1,10	1,00	0,14	0,60	1,55	13,73	2,84	17,50	15,00	35,00
	5	4,65	8,00	1,00	1,00	0,13	0,60	1,55	13,65	2,73	17,90	14,00	35,00
ALT 2	1	5,60	6,00	2,15	1,20	0,07	0,27	0,05	9,27	3,70	13,00	28,00	1,00
	2	5,70	7,00	2,05	1,25	0,07	0,22	0,07	9,31	3,59	13,60	26,00	1,00
	3	5,55	6,00	2,10	1,27	0,07	0,29	0,05	9,24	3,73	13,70	28,00	1,00
	4	5,60	6,00	2,10	1,20	0,05	0,27	0,08	9,28	3,62	13,10	28,00	1,00
	5	5,60	7,00	2,15	1,20	0,06	0,26	0,04	9,37	3,67	13,00	28,00	1,00
ALT 3	1	5,70	6,00	6,65	2,10	0,13	0,57	0,05	8,77	9,45	17,60	54,00	1,00
	2	5,60	8,00	6,60	2,05	0,14	0,57	0,05	8,64	9,36	17,40	56,00	1,00
	3	5,70	6,00	6,65	2,10	0,14	0,53	0,05	8,78	9,42	18,10	52,00	1,00
	4	5,55	6,00	6,75	2,10	0,18	0,55	0,06	8,59	9,58	17,50	52,00	1,00
	5	5,60	7,00	6,80	2,15	0,15	0,56	0,05	8,82	9,66	17,70	54,00	1,00

Cordeiro, T.R.L. (2023).

Tabela 3 – Temperatura do solo por coleta, amostra e altitude no brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, Saloá, Pernambuco.

COLETA	AMOSTRA	ALTITUDE 1	ALTITUDE 2	ALTITUDE 3
		TEMPERATURA DO SOLO (° C)		
1	1	27	20	29
1	2	27	20	29
1	3	27	20	29
1	4	27	20	29
1	5	27	20	29
2	1	25	22	23
2	2	25	22	23
2	3	25	22	23
2	4	25	22	23
2	5	25	22	23
3	1	24	22	21
3	2	24	22	21

3	3	24	22	21
3	4	24	22	21
3	5	24	22	21
4	1	22	22	19
4	2	22	22	19
4	3	22	22	19
4	4	22	22	19
4	5	22	22	19
5	1	19	19	19
5	2	19	19	19
5	3	19	19	19
5	4	19	19	19
5	5	19	19	19
6	1	23	21	20
6	2	23	21	20
6	3	23	21	20
6	4	23	21	20
6	5	23	21	20

Cordeiro, T.R.L. (2023).

Tabela 4 – Temperatura do solo por coleta, amostra e altitude no brejo de altitude de Taquaritinga, Taquaritinga do Norte, Pernambuco.

COLETA	AMOSTRA	ALTITUDE 1	ALTITUDE 2	ALTITUDE 3
		TEMPERATURA DO SOLO (° C)		
1	1	22	25	23
1	2	22	25	23
1	3	22	25	23
1	4	22	25	23
1	5	22	25	23
2	1	22	22	24
2	2	22	22	24
2	3	22	22	24
2	4	22	22	24
2	5	22	22	24
3	1	22	23	19
3	2	22	23	19
3	3	22	23	19
3	4	22	23	19
3	5	22	23	19
4	1	22	22	19
4	2	22	22	19
4	3	22	22	19
4	4	22	22	19
4	5	22	22	19
5	1	22	23	19
5	2	22	23	19
5	3	22	23	19

5	4	22	23	19
5	5	22	23	19
6	1	20	21	22
6	2	20	21	22
6	3	20	21	22
6	4	20	21	22
6	5	20	21	22

Cordeiro, T.R.L. (2023).

4.5 ISOLAMENTO, PURIFICAÇÃO E IDENTIFICAÇÃO DOS MUCOROMYCOTA

Para o isolamento, cinco miligramas de solo foram espalhados sobre o meio de cultura ágar germen de trigo (Benny, 2008), adicionado de cloranfenicol (80 mg.L^{-1}), contido em placas de Petri, em triplicata. O crescimento das colônias foi acompanhado por 72 horas, em temperatura ambiente ($28 \pm 2^\circ\text{C}$). Para a purificação dos Mucoromycota, fragmentos das colônias foram transferidos separadamente para o meio batata dextrose ágar (BDA) (Lacaz *et al.* 2002), adicionado de cloranfenicol (80 mg.L^{-1}), contido em placas de Petri e, após confirmada a pureza, os isolados foram transferidos para tubos de ensaio contendo batata dextrose ágar (BDA).

Os espécimes foram identificados pela observação das características macroscópicas (coloração, aspecto e diâmetro das colônias) e microscópicas (microestruturas), de acordo com as descrições de Hesseltine & Ellis (1964, 1966), Ellis & Hesseltine (1965), Schipper (1973, 1975, 1976, 1978, 1984, 1990), Hesseltine & Fennel (1995), Zheng & Chen (2001), Zheng *et al.* (2007), Santiago *et al.* (2014), Li *et al.* (2016), Crous *et al.* (2018, 2019), de Lima *et al.* (2018, 2021), de Souza *et al.* (2018), Wagner *et al.* (2019), Freitas *et al.* (2020), Lima *et al.* (2020), Cordeiro *et al.* (2020), Leitão *et al.* (2021), de Lima *et al.* (2022) e Cordeiro *et al.* (2023).

Espécies novas e primeiras ocorrências para o Brasil foram descritas e ilustradas utilizando os meios de cultura ágar extrato de malte (AEM) (Benny, 2008) e BDA, em placas de Petri, incubadas a 10, 15, 20, 25, 30, 35 e 40°C , no escuro. O crescimento das colônias foi avaliado a cada 24 horas, determinando-se quantos centímetros as colônias cresceram nesse intervalo e se houve diferença de coloração entre o dia do inóculo e o dia em que a colônia tomou toda a placa de Petri. A coloração das colônias foi determinada de acordo com o dicionário de cores de Maerz e Paul (1950).

Todas as características microscópicas foram obtidas através da análise dos espécimes em microscópio de luz Leica DM500. As microestruturas foram medidas a partir de culturas em lâmina montadas em PVLG, glicerol (10%) ou em Azul de Aman, para observação.

4.6 INCORPORAÇÃO DOS ESPÉCIMES DE MUCOROMYCOTA À COLEÇÃO DE CULTURAS MICOTECA URM E AO HERBÁRIO URM

Amostras dos isolados de Mucoromycota foram incorporadas à Coleção de Culturas Micoteca URM, da Universidade Federal de Pernambuco, preservadas em óleo mineral. As lâminas permanentes (holótipos) foram incorporadas ao acervo do Herbário URM, da Universidade Federal de Pernambuco.

4.7 AVALIAÇÃO DAS COMUNIDADES DE MUCOROMYCOTA

As comunidades de Mucoromycota foram avaliadas em relação:

- Abundância Relativa

A abundância de cada espécie nas áreas foi calculada aplicando-se a fórmula $Ar = (Ni/N) \times 100$, em que: Ar = abundância relativa da espécie i; Ni = número de UFC da espécie i; N = número total de UFC (Zak & Willig, 2004).

As espécies foram classificadas de acordo com Silva & Cavalcanti (2010) como: raras (<1,5%), ocasionais (1,5–3,5%), comuns (>3,5–6,5%) e abundantes (>6,5%).

- Análises bioestatísticas

As análises estatísticas (multivariadas) de diversidade (α e β), frequência, abundância e escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) foram feitas no software R versão 4.1.1 (R Core Team, 2021), com a ajuda da interface RStudio 2021.09.0-Build 351 (RStudio Team, 2021). A análise de variância (ANOVA) e o teste *post-hoc* LSD (Least Significant Difference) de Fisher foram realizados através da biblioteca R 'agricolae' (v. 1.3.5), adotando o nível de significância de 5% ($p = 0.05$) para os dados da alfa-diversidade. A correção de Boferroni foi aplicada para controlar a taxa de erro do tipo I da família de teste em função das comparações múltiplas entre tratamentos. Os gráficos de barras foram construídos utilizando as funções do pacote 'ggplot2' (v. 3.3.5). A análise canônica de coordenadas principais (CAP), cálculos de correlações de Spearman e as análises de permutação multivariada (PERMANOVA) foram feitas com funções do pacote 'vegan' (v. 2.5.7). Os gráficos de barras e demais figuras da estatística multivariada foram construídos através dos recursos dos pacotes R 'graphics' (v. 4.1.1), 'ggplot2' (biplots), 'cowplot' (v. 1.1.1) e 'gridExtra' (v. 2.3). Os testes de contraste da abundância de isolados de fungos entre os perfis de altitude foram representados através dos gráficos de erro estendido utilizando o *software* STAMP 2.1.3 (Parks *et al.* 2014).

4.8 EXTRAÇÃO DE DNA, AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DAS REGIÕES ITS E LSU DO rDNA

A biomassa fúngica foi obtida a partir de culturas inoculadas em MEA incubadas a 28 °C por até 5 dias e foi transferida para microtubos de 2 mL com tampa de rosca. Para cada tubo, 0,5 g de contas de vidro lavadas com ácido de dois diâmetros diferentes (150–212 µm e 425–600 µm, 1:1); (Esferas de vidro, Sigma-Aldrich, Darmstadt, Alemanha) foram adicionadas e a biomassa fúngica foi triturada por agitação em alta velocidade em um homogeneizador FastPrep (FastPrep-24, MP Biomedicals, Califórnia, EUA). O procedimento de extração de DNA genômico foi realizado conforme descrito por Oliveira *et al.* (2016), onde o micélio foi homogeneizado em tampão de lise CTAB [brometo de cetiltrimetilamônio a 2%, EDTA 20 mM, Tris-HCl 0,1 M (pH 8,0), NaCl 1,4 M; Doyle & Doyle, 1987, 1990], lavados com clorofórmio e álcool isoamílico (24:1), e subsequentemente o sobrenadante contendo DNA foi separado dos resíduos de hifas. O sobrenadante foi misturado com um volume igual de isopropanol seguido de precipitação de DNA após incubação a -20°C por 30 min. Após centrifugação a 13.000 rpm por 10 min, o pellet de DNA resultante foi lavado com etanol 70% por 1 minuto e posteriormente, foi ressuspensão em 50 µL de água ultrapura.

Para a amplificação do ITS e do LSU do rDNA, foram utilizados os pares de primers ITS1/ITS4 e LR1/LSU2 (White *et al.* 1990; van Tuinen *et al.* 1998, Santiago *et al.* 2014), respectivamente. Os parâmetros de ciclagem térmica foram 5 min a 95 °C (um ciclo); seguido por 45 segundos a 94 °C, 1 minuto a 60 °C e 1 minuto a 72 °C (39 ciclos); e uma etapa final de alongamento de 7 min a 72°C. Os amplicons finais foram purificados com a mistura enzimática (NucleoSAP, Molecular Biotechnology, Belo Horizonte, Brasil) e enviados para o sequenciamento na Plataforma de Tecnologia Genômica e Expressão Gênica do Centro de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Pernambuco - UFPE (Pernambuco, Brasil). Para as amostras em que o sequenciamento direto das regiões do rDNA obtidas por produtos de PCR não tiveram sucesso, os produtos de PCR foram clonados usando o kit de clonagem pGEM-T Easy Vector System (Promega, Madison, EUA), seguindo as instruções do fabricante. Esses clones foram sequenciados com os primers M13F forward (5'-GTAAAACGACGGCAGT-3') e M13R-pUC reverse (5'-CAGGAAACAGCTATGAC-3') usando o ABI PRISM 3730XL Genetic Analyzer (ThermoFisher Scientific, Carlsbad, EUA).

4.9 CONFIRMAÇÃO GENÉTICA DOS MUCOROMYCOTA, ALINHAMENTO E ANÁLISES FILOGENÉTICAS

As sequências geradas nesse trabalho foram comparadas com sequências semelhantes disponíveis no GenBank usando a ferramenta BLASTn (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) para confirmação genética dos táxons.

Para criação de árvore filogenéticas, as sequências obtidas foram alinhadas com outras sequências de espécimes de clados irmãos, usando MAFFT v.7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server>) (Kato *et al.* 2013) e editadas manualmente no MEGA v. 7 (Kumar *et al.* 2016). Análises de inferência bayesiana (BI) e máxima verossimilhança (ML) foram realizadas com MrBayes v. 3.2.2 (Ronquist *et al.* 2012) em XSEDE e RAxML-HPC BlackBox v.8.2.8 (Stamatakis *et al.* 2008, Stamatakis, 2014), respectivamente, usando a plataforma CIPRES Science Gateway (<http://www.phylo.org/>) (Miller *et al.* 2010). A análise de ML foi realizada usando o modelo de substituição de nucleotídeo padrão GTR+I+G, e a BI foi realizada usando o melhor modelo de substituição de nucleotídeos estimado em MrModeltest version 2.3. As árvores filogenéticas foram visualizadas e organizadas usando Interactive Tree of Life (iTOL) v4 (<https://itol.embl.de/>) (Letunic & Bork, 2019).

5 RESULTADOS

5.1 BREJO DE ALTITUDE DA RPPN RESERVA NATURAL BREJO

Foram isolados, do solo do brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, 54 espécies e seis variedades de Mucoromycota, pertencentes à *Absidia*, *Backusella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Rhizopus* e *Umbelopsis*.

Maior número de unidades formadoras de colônias de Mucoromycota por grama de solo (UFC.g⁻¹ de solo), foi verificado na altitude 2 ($4,8 \times 10^4$), seguida pelas altitudes 1 ($3,8 \times 10^4$) e 3 ($3,5 \times 10^4$). No total, $1,2 \times 10^5$ UFC.g⁻¹ de solo foram formadas nas placas de Petri com amostras de solo da RPPN Reserva Natural Brejo (Tabela 5).

Mucor jansseni foi a espécie com maior número de UFC.g⁻¹ de solo ($7,8 \times 10^3$) na altitude 1, seguida por *A. cornuta* ($5,2 \times 10^3$) e *C. echinulata* var. *antarctica* (4×10^3). Na altitude 2, *M. jansseni* também foi a espécie com maior número de UFC.g⁻¹ de solo ($1,1 \times 10^4$), seguido por *C. bertholletiae* ($5,8 \times 10^3$) e *M. circinelloides* ($4,4 \times 10^3$). Na altitude 3, *C. bertholletiae* ($5,2 \times 10^3$) apresentou maior número UFC.g⁻¹ de solo, seguida por *A. pernambucoensis* (5×10^3) e *A. cornuta* ($2,2 \times 10^3$). *Mucor jansseni* foi a espécie que apresentou maior de UFC para essa área de estudo, considerando-se os três gradientes de altitude, totalizando $1,9 \times 10^4$ UFC.g⁻¹ de solo (Tabela 5).

Tabela 5 – Número de unidades formadoras de colônia de Mucoromycota por grama de solo (UFC.g-1) no brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no Município de Saloá, PE.

MUCOROMYCOTA	ALT1	ALT2	ALT3	TOTAL
<i>Absidia</i> sp. 257	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>Absidia</i> sp. 347	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>Absidia</i> sp. 500	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>Absidia</i> sp. 594	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>A. aguabelensis</i> J.D. Leitão, T.R.L. Cordeiro, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	8×10^2	2×10^2	0	1×10^3
<i>A. caatingaensis</i> D.X. Lima & A.L. Santiago	$1,4 \times 10^3$	1×10^3	$1,4 \times 10^3$	$3,8 \times 10^3$
<i>A. cornuta</i> D.X. Lima, C.A. de Souza, H.B. Lee & A.L. Santiago	$5,2 \times 10^3$	$3,4 \times 10^3$	$2,2 \times 10^3$	$1,1 \times 10^4$
<i>A. cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i> Hagem	4×10^2	$1,6 \times 10^3$	$1,8 \times 10^3$	$3,8 \times 10^3$
<i>A. multispora</i> T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	0	2×10^2	1×10^3	$1,2 \times 10^3$
<i>A. pararepens</i> Jurjević, M. Kolařík & Hubka	0	2×10^2	2×10^2	4×10^2
<i>A. pernambucoensis</i> D.X. Lima, Souza-Motta & A.L. Santiago	$1,8 \times 10^3$	$2,6 \times 10^3$	5×10^3	$9,4 \times 10^3$
<i>A. repens</i> Tiegh.	2×10^2	4×10^2	8×10^2	$1,4 \times 10^3$
<i>A. saloaensis</i> T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	$1,4 \times 10^3$	3×10^3	$1,2 \times 10^3$	$5,6 \times 10^3$
<i>Backusella</i> sp. 82	0	6×10^2	0	6×10^2
<i>Backusella</i> sp. 478	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>Backusella</i> sp. 707	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>Backusella</i> sp. 712	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>Backusella</i> sp. 817	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>B. azygospora</i> T.R.L. Cordeiro, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>B. constricta</i> D.X. Lima, C.A.F. de Souza & A.L. Santiago	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>B. lamprospora</i> (Lendn.) Benny & R.K. Benj.	0	6×10^2	1×10^3	$1,6 \times 10^3$
<i>B. locustae</i> Hyang B. Lee, S.H. Lee & T.T.T. Nguyen	2×10^2	0	0	2×10^2
<i>Cunninghamella bertholletiae</i> Stadel	$3,6 \times 10^3$	$5,8 \times 10^3$	$5,2 \times 10^3$	$1,46 \times 10^4$
<i>C. clavata</i> R.Y. Zheng & G.Q. Chen	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>C. echinulata</i> var. <i>antarctica</i> (Caretta & Piont.) R.Y. Zheng & G.Q. Chen	4×10^3	2×10^2	8×10^2	5×10^3
<i>C. echinulata</i> var. <i>echinulata</i> (Thaxt.) Thaxt. ex Blakeslee	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>C. echinulata</i> var. <i>verticillata</i> (F.S. Paine) R.Y. Zheng & G.Q. Chen	4×10^2	0	0	4×10^2
<i>C. gigacellularis</i> A.L. Santiago, C.L. Lima & C.A.F. de Souza	2×10^2	0	0	2×10^2
<i>Gongronella brasiliensis</i> C.A.F. de Souza, D.X. Lima & A.L. Santiago	0	2×10^2	$1,4 \times 10^3$	$1,6 \times 10^3$

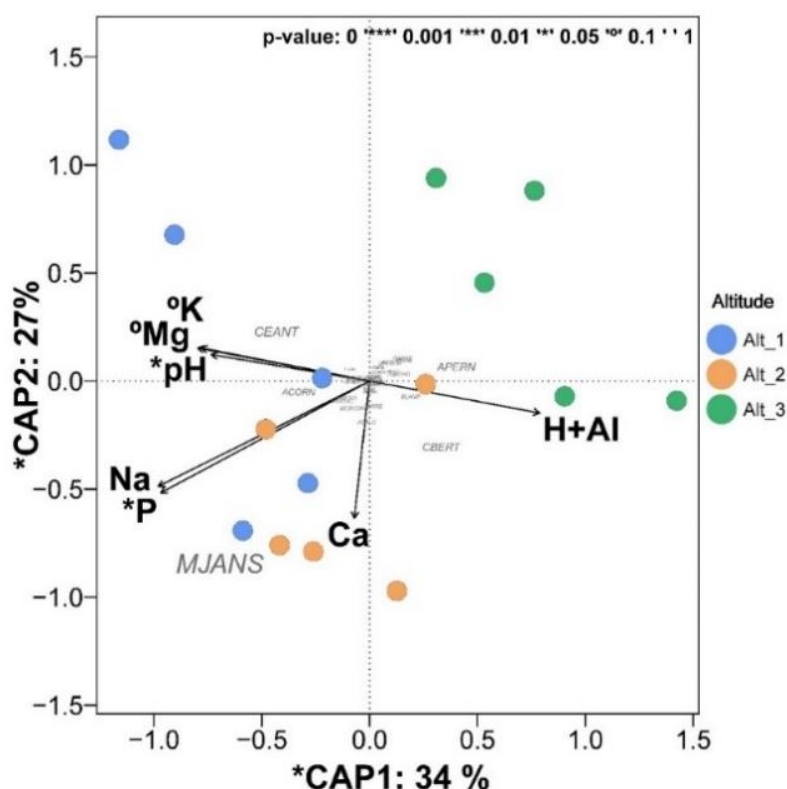
<i>G. butleri</i> (Lendn.) Peyronel & Dal Vesco	8×10^2	8×10^2	4×10^2	2×10^3
<i>G. pedratalhadensis</i> L.W.S. Freitas, H.B. Lee & A.L. Santiago	2×10^2	8×10^2	$1,4 \times 10^3$	$2,4 \times 10^3$
<i>Lichtheimia brasiliensis</i> A.L. Santiago, D.X. Lima & R.J.V. Oliveira	4×10^2	2×10^2	4×10^2	1×10^3
<i>L. corymbifera</i> (Cohn) Vuill.	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>L. hyalospora</i> (Saito) Kerst. Hoffm., Walther & K. Voigt	6×10^2	0	0	6×10^2
<i>L. ramosa</i> (Zopf) Vuill.	0	0	4×10^2	4×10^2
<i>Mucor caatinguensis</i> A.L. Santiago, C.A.F. de Souza & D.X. Lima	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>M. circinatus</i> D.X. Lima, G. Walther & A.L. Santiago	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>M. circinelloides</i> Tiegh.	$1,2 \times 10^3$	$4,4 \times 10^3$	$1,4 \times 10^3$	7×10^3
<i>M. indicus</i> Lendn.	2×10^2	0	2×10^2	4×10^2
<i>M. irregularis</i> Stchigel, Cano, Guarro & E. Álvarez	2×10^2	$1,2 \times 10^3$	2×10^2	$1,6 \times 10^3$
<i>M. jansseni</i> Lendn.	$7,8 \times 10^3$	$1,08 \times 10^4$	1×10^3	$1,96 \times 10^4$
<i>M. lusitanicus</i> Bruderl.	0	6×10^2	0	6×10^2
<i>M. merdicola</i> C.A.F. de Souza & A.L. Santiago	$1,8 \times 10^3$	$1,6 \times 10^3$	6×10^2	4×10^3
<i>M. minutus</i> (Baijal & B.S. Mehrotra)	0	4×10^2	0	4×10^2
<i>M. mousanensis</i> Baijal & B.S. Mehrotra	0	2×10^2	0	2×10^2
<i>M. pernambucoensis</i> C.L. Lima, D.X. Lima & A.L. Santiago	0	4×10^2	0	4×10^2
<i>M. pseudocircinelloides</i> L. Wagner & G. Walther	2×10^2	0	2×10^2	4×10^2
<i>M. pseudolusitanicus</i> L. Wagner & G. Walther	6×10^2	2×10^2	2×10^2	1×10^3
<i>M. septatum</i> C.A.F. de Souza, T.R.L. Cordeiro & A.L. Santiago	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>M. souzae</i> C.A. de Souza, D.X. Lima & A.L. Santiago	6×10^2	2×10^2	0	8×10^2
<i>M. subtilissimus</i> Berk.	0	2×10^2	2×10^2	4×10^2
<i>M. variicolumellatus</i> L. Wagner & G. Walther	2×10^3	$2,4 \times 10^3$	1×10^3	$5,4 \times 10^3$
<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i> A. Fisch.	8×10^2	$1,4 \times 10^3$	4×10^2	$2,6 \times 10^3$
<i>R. arrhizus</i> var. <i>delemar</i> (Boidin ex Wehmer & Hanzawa) J.J. Ellis	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>R. microsporus</i> Tiegh.	0	2×10^2	1×10^3	$1,2 \times 10^3$
<i>R. stolonifer</i> (Ehrenb.) Vuill.	4×10^2	2×10^2	2×10^2	8×10^2
<i>Umbelopsis isabellina</i> (Oudem.) W. Gams	2×10^2	0	$1,6 \times 10^3$	$1,8 \times 10^3$
TOTAL	$3,8 \times 10^4$	$4,8 \times 10^4$	$3,5 \times 10^4$	$1,2 \times 10^5$
Riqueza de espécies e variedades	28	40	38	-

Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

De acordo com o biplot de escalonamento não-métrico (NMDS), na matriz de espécies e na matriz de variáveis ambientais, verificou-se que as espécies que formam a comunidade de Mucoromycota da altitude 3 foram negativamente influenciadas pelos teores de K, Mg, Na, P, Ca disponíveis e pelo pH do solo. Em contraste, a comunidade desses fungos foi positivamente associada à acidez potencial do solo (H+Al). Observa-se que as comunidades de Mucoromycota, na altitude 3, em cada uma das coletas, foram diferentes das comunidades nas altitudes 1 e 2. Na altitude 1 a comunidade de Mucoromycota foi influenciada positivamente pelas concentrações de K, Mg, Na, P, Ca e pelo pH do solo. A comunidade desses fungos, na altitude 2, foi positivamente influenciada pelas concentrações de Na, P e Ca, e apenas uma coleta nessa altitude foi influenciada pela H+Al. De forma geral, as altitudes (1 e 2) foram negativamente influenciadas pela H+Al do solo (Figura 3).

No geral, a correlação entre altitude e espécies mostrou que a elevação altitudinal influenciou positivamente a ocorrência de *M. jansseni* e *A. cornuta*, na altitude 1 (800 m) e *A. pernambucoensis* e *B. lamprospora* na altitude 2 (900 m). As demais espécies parecem não ter sofrido influência direta da variação de altitude ou dos elementos presentes no solo.

Figura 3 – Estrutura das comunidades de Mucoromycota (β -diversidade) em solos amostrados em três gradientes de altitude do brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Salóá - PE.



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

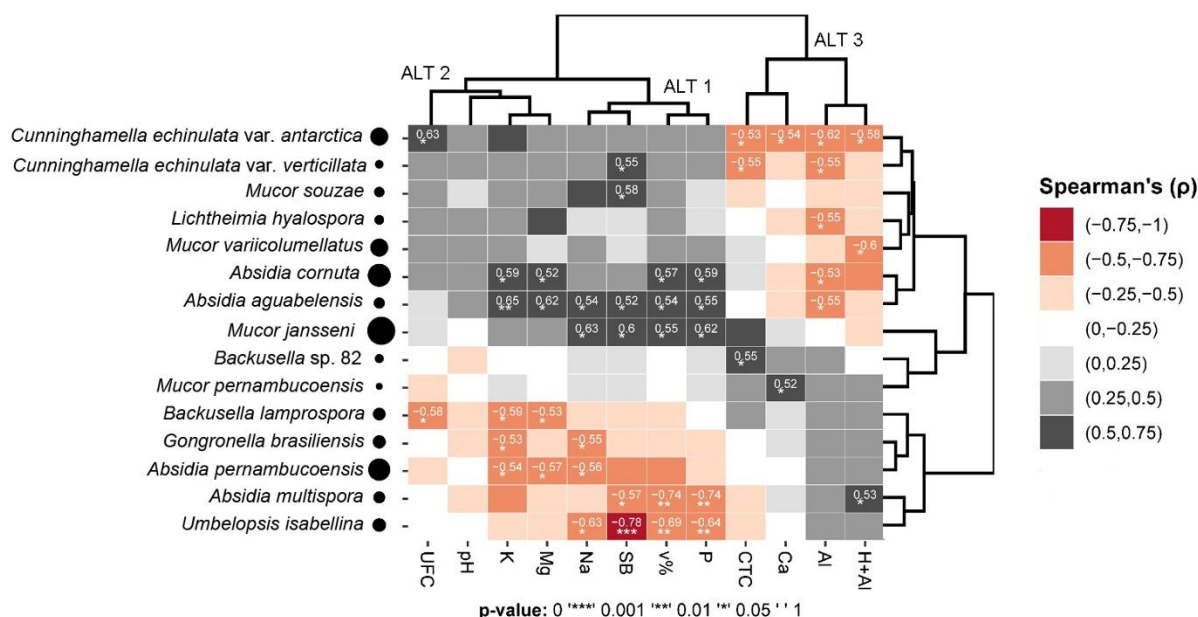
Os círculos indicaram as amostras independentes de solos. Os vetores apontaram os scores das principais variáveis químicas do solo, excluindo as com alta colinearidade (redundantes). As variáveis significativas ($p < 0.05$) foram precedidas por um ou mais asterisco (*), de acordo com análise de permutação multivariada (PERMANOVA),

incluindo os dois eixos principais da análise canônica de coordenadas principais (CAP). As espécies de Mucoromycota foram identificadas pelos códigos padronizados, sendo o tamanho no gráfico proporcional à contribuição da espécie na explicação da variância total. ASP257: *Absidia* sp. 257; ASP347: *Absidia* sp. 347; ASP594: *Absidia* sp. 594; AAGUA: *Absidia aguabelensis*; ACAAT: *Absidia caatingaensis*; ACORN: *Absidia cornuta*; ACYLI: *Absidia cylindrospora* var. *cylindrospora*; AMULT: *Absidia multispora*; APARA: *Absidia pararepens*; APERN: *Absidia pernambucoensis*; AREPE: *Absidia repens*; ASALO: *Absidia saloensis*; BAZYG: *Backusella azygospora*; BSP82: *Backusella* sp. 82; BSP478: *Backusella* sp. 478; BSP707: *Backusella* sp. 707; BSP817: *Backusella* sp. 817; BCONS: *Backusella constricta*; BLAMP: *Backusella lamprospora*; BLOCU: *Backusella locustae*; CBERT: *Cunninghamella bertholletiae*; CCLAV: *Cunninghamella clavata*; CEANT: *Cunninghamella echinulata* var. *antarctica*; CEECH: *Cunninghamella echinulata* var. *echinulata*; CEVER: *Cunninghamella echinulata* var. *verticillata*; CGIGA: *Cunninghamella gigacellularis*; GBRAS: *Gongronella brasiliensis*; GBULT: *Gongronella butleri*; GPEDRA: *Gongronella pedratalhadensis*; LBRAS: *Lichtheimia brasiliensis*; LCORY: *Lichtheimia corymbifera*; LHYAL: *Lichtheimia hyalospora*; LRAMOS: *Lichtheimia ramosa*; MCAAT: *Mucor caatinguensis*; MCIRC: *Mucor circinatus*; MCIRCINE: *Mucor circinelloides*; MINDI: *Mucor indicus*; MIRRE: *Mucor irregulares*; MJANS: *Mucor jansseni*; MLUSIT: *Mucor lusitanicus*; MMERD: *Mucor merdicola*; MMINU: *Mucor minutus*; MMOUS: *Mucor mousanensis*; MPERN: *Mucor pernambucoensis*; MPESEUDC: *Mucor pseudocircinelloides*; MPESEUDOL: *Mucor pseudolusitanicus*; MSEPT: *Mucor septatum*; MSOUZ: *Mucor souzae*; MSUBT: *Mucor subtilissimus*; MVARIIIC: *Mucor variicolumellatus*; RAVAR: *Rhizopus arrhizus* var. *arrhizus*; RAVDEL: *Rhizopus arrhizus* var. *delemar*; RMICRO: *Rhizopus microsporus*; RSTOL: *Rhizopus stolonifer*; UISAB: *Umbelopsis isabellina*.

Absidia cornuta e *A. aguabelensis* foram correlacionadas positivamente com a presença de K, Mg, P e pela V%, no solo. Em contrapartida, essas espécies foram correlacionadas negativamente com a H+Al, enquanto *A. multispora* foi a única espécie do gênero que apresentou correlação positiva com essa variável. *Mucor jansseni* foi correlacionado positivamente com a SB e com as bases C, K, Mg e Na, V% e P no solo. *Umbelopsis isabellina* e *A. multispora* exibiram correlação negativa com a SB, contudo, *A. multispora* foi positivamente influenciada pela H+Al. *Cunninghamella echinulata* var. *antarctica* foi positivamente influenciada pela presença de outros espécimes de Mucoromycota na comunidade, enquanto *C. echinulata* var. *verticillata* foi correlacionada positivamente com a SB.

O teor de Fósforo (P), a V% e a SB foram as variáveis mais fortemente correlacionadas positivamente ou negativamente com espécimes de Mucoromycota do solo da RPPN Reserva Natural Brejo, principalmente nas altitudes 1 e 2. Apenas *A. aguabelensis*, *A. cornuta*, *C. echinulata* var. *antarctica*, *C. echinulata* var. *verticillata*, *L. hyalospora*, *M. jansseni*, *M. souzae* e *M. variicolumellatus* foram negativamente influenciadas H+Al do solo na altitude 3 (Figura 4).

Figura 4 – Associações monotônicas entre a ocorrência de espécies de Mucoromycota e as variáveis químicas da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.

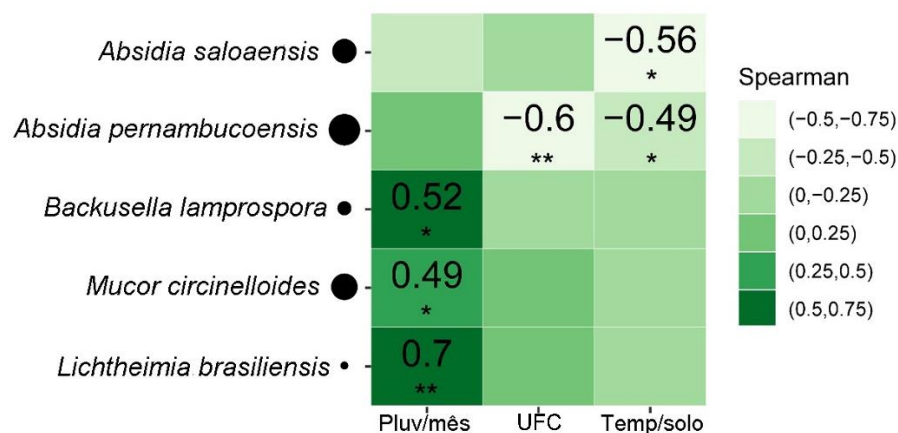


Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

As correlações entre variáveis foram representadas por retângulos numa escala de coloração discreta (sete níveis), analisados de acordo com o coeficiente ρ (rho) de Spearman. Apenas foram demonstradas as espécies que apresentaram correlação significativa com ao menos uma variável do solo. Os dendrogramas representam a disparidade entre variáveis, usando uma função "find_dend" do pacote "heatmaply" para encontrar a "ótima" ordenação para os dados. Os círculos fazem referência à frequência relativa das espécies, proporcional ao diâmetro.

Lichtheimia brasiliensis, *M. circinelloides* e *B. lamprospora* foram influenciadas positivamente pela pluviosidade, enquanto *A. pernambucoensis* e *A. saloaensis* foram negativamente correlacionadas com outros espécimes presentes na comunidade de Mucoromycota e com a temperatura do solo (Figura 5).

Figura 5 – Associações monotônicas entre ocorrência de espécies de fungos e variáveis físico-químicas do solo do brejo de altitude da Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.



Cordeiro, T.R.L. (2023).

As correlações entre variáveis foram representadas por retângulos numa escala de coloração discreta (cinco níveis), analisados de acordo com o coeficiente ρ (rhô) de Spearman. Apenas foram demonstradas as espécies que apresentaram correlação significativa com ao menos uma variável analisada. Os dendrogramas representam a

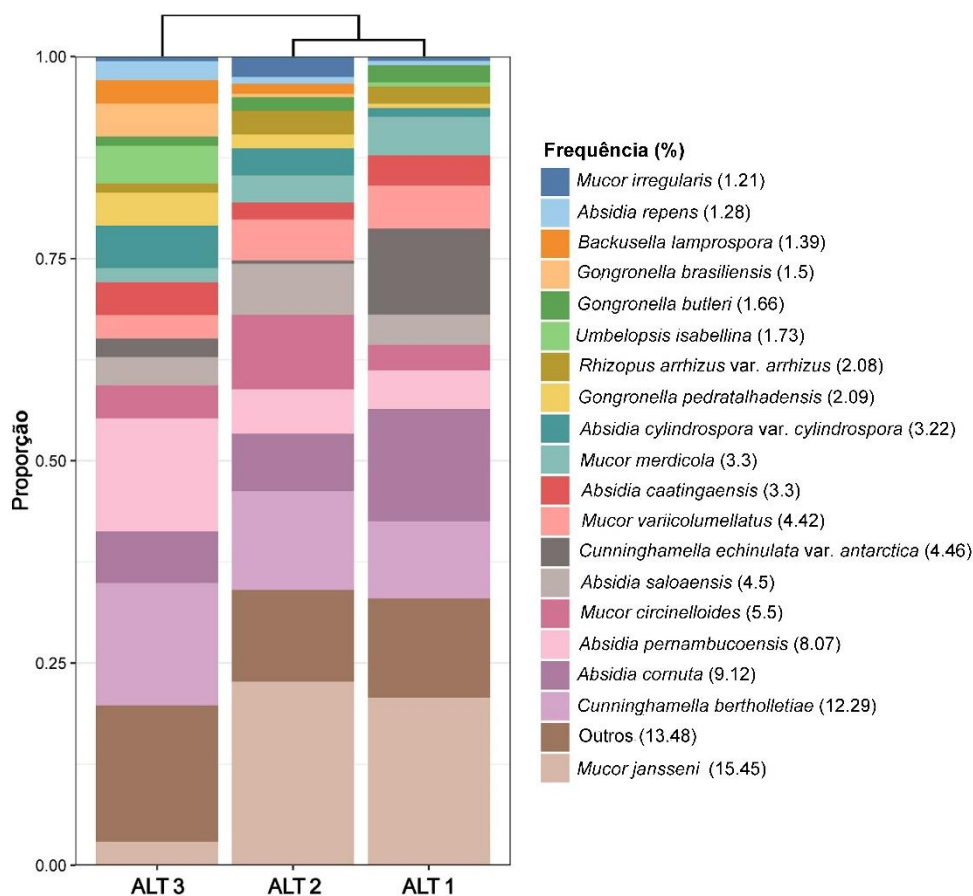
disparidade entre variáveis, usando uma função "find_dend" do pacote "heatmaply" para encontrar a "ótima" ordenação para os dados. Os círculos fazem referência à frequência relativa das espécies, proporcional ao diâmetro.

O grau de aproximação entre as altitudes, de acordo com análise de correlação de Spearman, mostrou que a comunidade de Mucoromycota é mais próxima entre as altitudes 1 e 2, enquanto o perfil de espécies na altitude 3 é mais diferenciado (Figura 6), o que também foi mostrado na figura 3.

Com relação às altitudes de forma isolada, *M. jansseni*, *A. cornuta* e *C. echinulata* var. *antarctica* foram as espécies mais frequentes na altitude 1. A primeira espécie também foi a mais frequente na altitude 2, seguida por *C. bertholletiae* e *M. circinelloides*. Na altitude 3, *C. bertholletiae* foi a espécie com maior frequência, seguida por *A. pernambucoensis* e *A. cornuta* (Figura 6).

As espécies de Mucoromycota com maior frequência relativa, na RPPN Reserva Natural Brejo, foram *M. jansseni* (15,45%), *C. bertholletiae* (12,29%) e *A. cornuta* (9,12%).

Figura 6 – Composição relativa das espécies de Mucoromycota mais abundantes em gradientes de altitude na área de brejo situada na RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE.



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

Através de paleta de cores foram identificadas as 19 espécies mais abundantes apresentadas em ordem crescente (de cima para baixo). As espécies remanescentes foram contabilizadas no cluster denominado "Others". O

dendrograma na parte superior identifica o grau de aproximação entre as altitudes de acordo com análise de correlação de Spearman.

A maioria das espécies isoladas em cada uma das três altitudes foram raras ou ocasionais. Na altitude 1, *M. jansseni* foi a espécie mais abundante (A.R = 20,74%), seguida por *A. cornuta* (A.R = 13,83%) e *C. echinulata* var. *antarctica* (A.R = 10,64%). Na altitude 2, *M. jansseni* também foi mais abundante (A.R = 22,69%), seguida por *C. bertholletiae* (A.R = 12,18%) e *M. circinelloides* (A.R = 9,24%). Na altitude 3, a espécie mais abundante foi *C. bertholletiae* (A.R = 15,12%), seguida por *A. pernambucoensis* (A.R = 14,53%) e *A. cornuta* (A.R = 6,39%). Considerando-se as três altitudes em conjunto, *M. jansseni* foi a espécie mais abundante no solo da RPPN Reserva Natural Brejo (Tabela 6).

Tabela 6 – Abundância relativa das espécies de Mucoromycota no solo do brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, Saloá - PE.

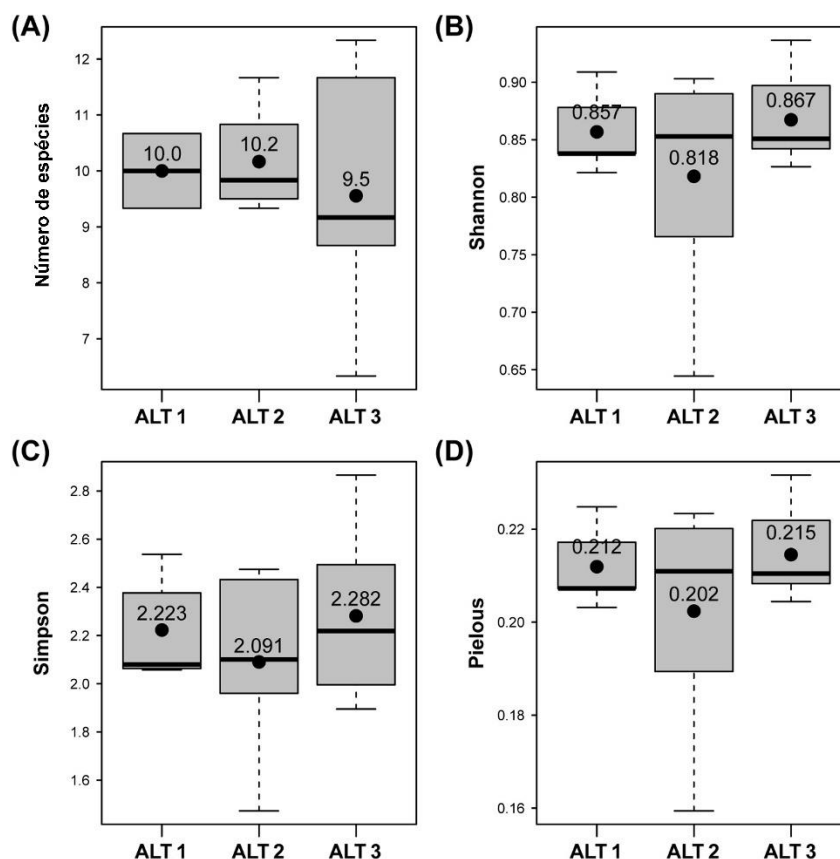
MUCOROMYCOTA	ALT1	A.R	ALT2	A.R	ALT3	A.R
<i>Absidia</i> sp. 257	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>Absidia</i> sp. 347	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>Absidia</i> sp. 500	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>Absidia</i> sp. 594	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>A. aguabelensis</i>	2,13%	O	0,42%	R	0%	R
<i>A. caatingaensis</i>	3,72%	C	2,10%	O	4,07%	C
<i>A. cornuta</i>	13,83%	A	7,14%	A	6,39%	C
<i>A. cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i>	1,06%	R	3,36%	O	5,23%	C
<i>A. multispora</i>	0%	R	0,42%	R	2,91%	O
<i>A. pararepens</i>	0%	R	0,42%	R	0,58%	R
<i>A. pernambucoensis</i>	4,78%	C	5,46%	C	14,53%	A
<i>A. repens</i>	0,53%	R	0,84%	R	2,32%	O
<i>A. saloaensis</i>	3,72%	C	6,30%	C	3,49%	O
<i>Backusella</i> sp. 82	0%	R	1,26%	R	0%	R
<i>Backusella</i> sp. 478	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>Backusella</i> sp. 707	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>Backusella</i> sp. 712	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>Backusella</i> sp. 817	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>B. azygospora</i>	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>B. constricta</i>	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>B. lamprospora</i>	0%	R	1,26%	R	2,91%	O
<i>B. locustae</i>	0,53%	R	0%	R	0%	R
<i>Cunninghamella bertholletiae</i>	9,57%	A	12,18%	A	15,12%	A
<i>C. clavata</i>	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>C. echinulata</i> var. <i>antarctica</i>	10,64%	A	0,42%	R	2,32%	O
<i>C. echinulata</i> var. <i>echinulata</i>	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>C. echinulata</i> var. <i>verticillata</i>	1,06%	R	0%	R	0%	R
<i>C. gigacellularis</i>	0,53%	R	0%	R	0%	R

<i>Gongronella brasiliensis</i>	0%	R	0,42%	R	4,07%	C
<i>G. butleri</i>	2,13%	O	1,68%	O	1,16%	R
<i>G. pedratalhadensis</i>	0,53%	R	1,68%	O	4,07%	C
<i>Lichtheimia brasiliensis</i>	1,06%	R	0,42%	R	1,16%	R
<i>L. corymbifera</i>	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>L. hyalospora</i>	1,59%	O	0%	R	0%	R
<i>L. ramosa</i>	0%	R	0%	R	1,16%	R
<i>Mucor caatinguensis</i>	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>M. circinatus</i>	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>M. circinelloides</i>	3,19%	O	9,24%	A	4,07%	C
<i>M. indicus</i>	0,53%	R	0%	R	0,58%	R
<i>M. irregularis</i>	0,53%	R	2,52%	O	0,58%	R
<i>M. jansseni</i>	20,74%	A	22,69%	A	2,91%	O
<i>M. lusitanicus</i>	0%	R	1,26%	R	0%	R
<i>M. merdicola</i>	4,79%	C	3,36%	O	1,74%	O
<i>M. minutus</i>	0%	R	0,84%	R	0%	R
<i>M. mousanensis</i>	0%	R	0,42%	R	0%	R
<i>M. pernambucoensis</i>	0%	R	0,84%	R	0%	R
<i>M. pseudocircinelloides</i>	0,53%	R	0%	R	0,58%	R
<i>M. pseudolusitanicus</i>	1,59%	O	0,42%	R	0,58%	R
<i>M. septatum</i>	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>M. souzae</i>	1,59%	O	0,42%	R	0%	R
<i>M. subtilissimus</i>	0%	R	0,42%	R	0,58%	R
<i>M. variicolumellatus</i>	5,31%	C	5,04%	C	2,90%	O
<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i>	1,06%	R	2,94%	O	1,16%	R
<i>R. arrhizus</i> var. <i>delemar</i>	0%	R	0%	R	0,58%	R
<i>R. arrhizus</i> var. <i>tonkinensis</i>	1,06%	R	0%	R	0%	R
<i>R. microsporus</i>	0%	R	0,42%	R	2,91%	O
<i>R. stolonifer</i>	1,06%	R	0,42%	R	0,58%	R
<i>Umbelopsis isabellina</i>	0,53%	R	0%	R	4,65%	C

Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

As análises da composição de espécies e divergência dos índices de diversidade nas altitudes mostraram que não houve diferenças significativas com relação à riqueza, índices de α -diversidade e equitabilidade dos Mucoromycota entre os três gradientes altitudinais (Figura 7).

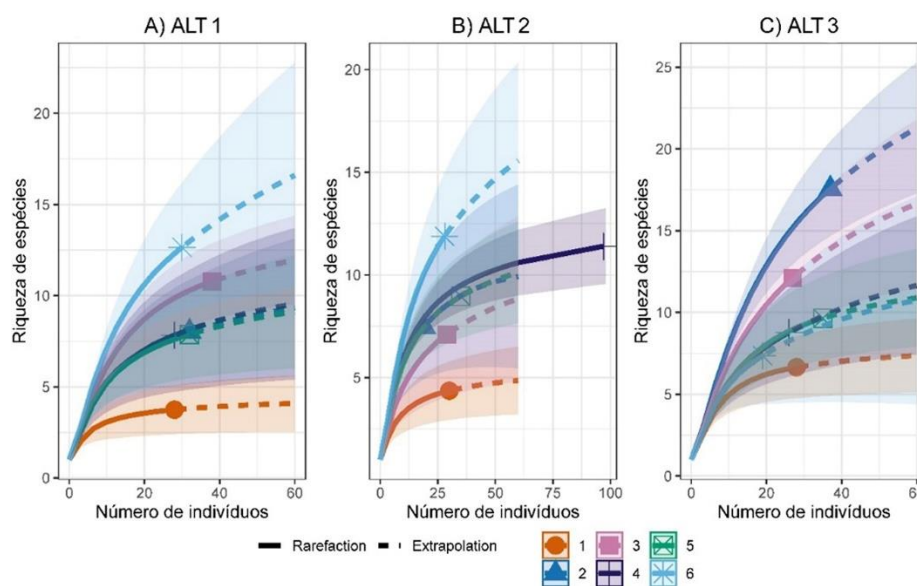
Figura 7 – Dispersão dos índices de α -diversidade para comunidades de Mucoromycota em diferentes gradientes de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá - PE. 800m (ALT1), 900m (ALT2) e 1000m (ALT3). (A) número de espécies; (B) Índice de diversidade de Shannon-Wiener; (C) índice de diversidade de Simpson; (D) índice de equabilidade de Pielous. De acordo com análise dos pressupostos, em todos os casos, os dados foram considerados normais e as variâncias foram homogêneas pelos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett, respectivamente, ambos ao nível de 5% de significância ($p = 0.05$). De acordo com o teste F, as médias não diferiram ($p = 0.05$).



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

Na altitude 1, a coleta 6 foi a que proporcionou o maior número de espécies isoladas (Figura 8-A). Essa mesma coleta também foi a mais promissora para a altitude 2 (Figura 8-B). Na altitude 3, foi maior número de espécies isoladas na coleta 2 (Figura 8-C). Embora tenham sido realizadas seis expedições para coleta de solo e isolamento de Mucoromycota, o esforço amostral não foi suficiente para que a riqueza esperada fosse atingida nos três gradientes de altitude (Figura 8-A,B,C).

Figura 8 – Riquezas observadas e extrapolações para espécies fúngicas encontradas em diferentes expedições (coletas) dentro de cada nível gradiente de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo, no município de Saloá-PE. ALT = altitude. Linhas contínuas representam a curva ajustada e a pontilhada indica a extrapolação da riqueza para o caso em que o número de indivíduos coletados supera o observado.



Cordeiro, T.R.L. (2023).

Nesse estudo, foram isolados os espécimes *Absidia* (sp. 257, sp. 347, sp. 500 e sp. 594), *Backusella* (sp. 82, sp. 478, sp. 707, sp. 712 e sp. 817), que apresentaram diferenças morfológicas, em relação às espécies descritas dentro dos gêneros citados. O sequenciamento das regiões ITS e LSU do rDNA foi realizado e comprovou que todos esses isolados representam novas espécies. A descrição das espécies está em andamento. Três novas espécies isoladas do solo da RPPN Reserva Natural Brejo já foram publicadas: *A. multispora*, *A. saloensis* e *B. azygospora* (Apêndices A e B), e a ocorrência de *A. pararepens* foi reportada para o Brasil (Apêndice C).

5.2 BREJO DE ALTITUDE DE TAQUARITINGA DO NORTE

Trinta e duas espécies e quatro variedades de Mucoromycota foram isoladas do solo do brejo de Taquaritinga do Norte, pertencentes aos gêneros *Absidia*, *Backusella*, *Circinella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Mucor*, *Rhizopus* e *Umbelopsis*.

Com relação ao número de unidades formadoras de colônias por grama de solo (UFC.g⁻¹ de solo), *A. pernambucoensis* ocorreu com maior número de UFC.g⁻¹ de solo, para a altitude 1 ($8,8 \times 10^3$), seguida por *A. cornuta* ($7,8 \times 10^3$) e *B. locustae* ($6,6 \times 10^3$). Embora altos valores de UFC.g⁻¹ de solo tenham sido observados para *A. pernambucoensis* e *B. locustae*, na altitude 2, a espécie com maior número de UFC foi *C. bertholletiae* (7×10^3), seguida pelas espécies supracitadas, com $5,6 \times 10^3$ e $3,2 \times 10^3$ UFC.g⁻¹ de solo, respectivamente. Na altitude 3, o maior

número de UFC foi observado para *A. pernambucoensis* (8×10^3), seguida por *A. cornuta* ($4,6 \times 10^3$) e *C. bertholletiae* ($4,4 \times 10^3$) (Tabela 7).

De acordo com os dados obtidos, o maior número de UFC.g⁻¹ de solo foi observado na altitude 1 ($4,6 \times 10^4$), e *Absidia pernambucoensis* foi a espécie com valor mais representativo para UFC.g⁻¹ de solo ($2,2 \times 10^4$), considerando-se os três gradientes de altitude em conjunto.

Tabela 7 – Número de unidades formadoras de colônia de Mucoromycota por grama de solo (UFC.g-1) no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte - PE.

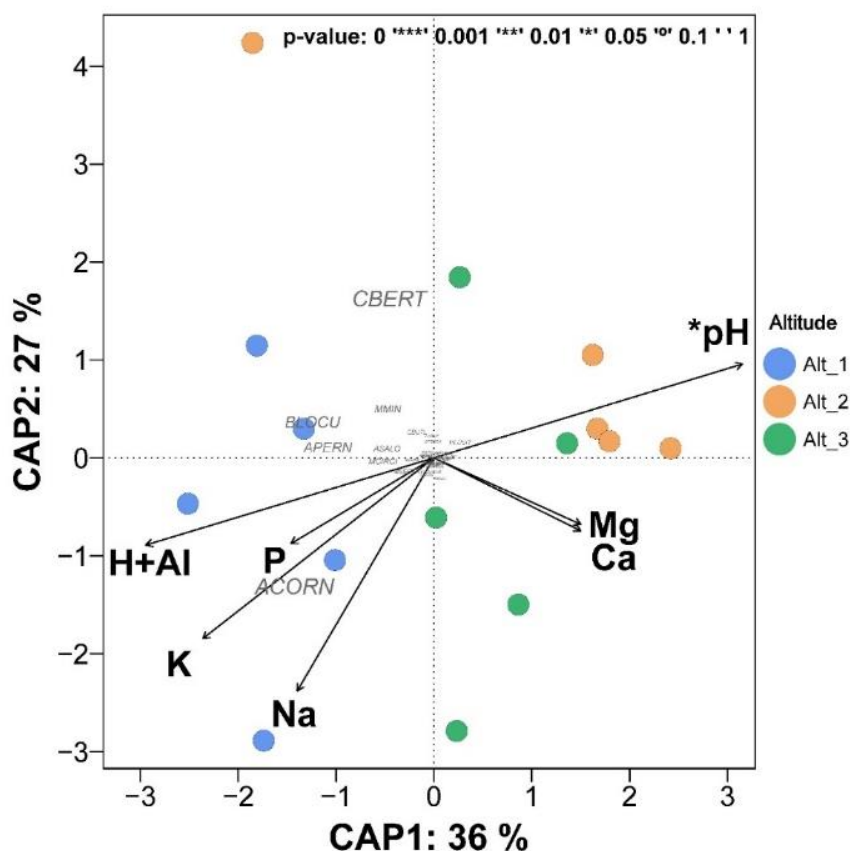
MUCOROMYCOTA	ALT1	ALT2	ALT3	TOTAL
<i>Absidia aguabelensis</i>	6×10^2	1×10^3	2×10^2	$1,8 \times 10^3$
<i>A. caatingaensis</i>	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>A. cornuta</i>	$7,8 \times 10^3$	$2,2 \times 10^3$	$4,6 \times 10^3$	$1,46 \times 10^4$
<i>A. multispora</i>	$1,2 \times 10^3$	$1,2 \times 10^3$	6×10^2	3×10^3
<i>A. pernambucoensis</i>	$8,8 \times 10^3$	$5,6 \times 10^3$	8×10^3	$2,24 \times 10^4$
<i>A. saloaensis</i>	$2,4 \times 10^3$	$1,4 \times 10^3$	4×10^2	$4,2 \times 10^3$
<i>Backusella</i> sp. 1086	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>B. brasiliensis</i>	6×10^2	6×10^2	6×10^2	$1,8 \times 10^3$
<i>B. constricta</i>	6×10^2	2×10^2	4×10^2	$1,2 \times 10^3$
<i>B. lamprospora</i>	0	2×10^2	6×10^2	8×10^2
<i>B. locustae</i>	$6,6 \times 10^3$	$3,2 \times 10^3$	$2,8 \times 10^3$	$1,26 \times 10^4$
<i>B. pernambucensis</i>	0	0	8×10^2	8×10^2
<i>Circinella muscae</i>	2×10^2	2×10^2	2×10^2	6×10^2
<i>Cunninghamella bertholletiae</i>	5×10^3	7×10^3	$4,4 \times 10^3$	$1,64 \times 10^4$
<i>C. echinulata</i> var. <i>antarctica</i>	0	0	4×10^2	4×10^2
<i>C. echinulata</i> var. <i>echinulata</i>	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>Gongronella brasiliensis</i>	4×10^2	0	2×10^2	6×10^2
<i>G. butleri</i>	6×10^2	6×10^2	2×10^2	$1,4 \times 10^3$
<i>G. pedratalhadensis</i>	2×10^2	4×10^2	4×10^2	1×10^3
<i>Mucor circinatus</i>	5×10^3	3×10^3	3×10^3	$1,1 \times 10^4$
<i>M. circinelloides</i>	0	4×10^2	0	4×10^2
<i>M. jansseni</i>	2×10^2	0	0	2×10^2
<i>M. lusitanicus</i>	0	1×10^3	8×10^2	$1,8 \times 10^3$
<i>M. minutus</i>	3×10^3	$2,6 \times 10^3$	$1,6 \times 10^3$	$7,2 \times 10^3$
<i>M. pseudocircinelloides</i>	0	4×10^2	0	4×10^2
<i>M. ramosissimus</i>	2×10^2	2×10^2	2×10^2	6×10^2
<i>M. septatum</i>	$1,2 \times 10^3$	8×10^2	2×10^3	4×10^3
<i>M. souzae</i>	2×10^2	0	0	2×10^2
<i>M. subtilissimus</i>	2×10^2	0	0	2×10^2
<i>M. variicolumellatus</i>	0	0	2×10^2	2×10^2
<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i>	2×10^2	6×10^2	0	8×10^2
<i>R. arrhizus</i> var. <i>delemar</i>	2×10^2	0	0	2×10^2
<i>R. stolonifer</i>	2×10^2	2×10^2	0	4×10^2
<i>Umbelopsis isabellina</i>	2×10^2	2×10^2	2×10^2	6×10^2

TOTAL	$4,6 \times 10^4$	$3,32 \times 10^4$	$3,32 \times 10^4$	$1,12 \times 10^5$
Riqueza de espécies e variedades	24	23	26	-

Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

O biplot da análise de escalonamento multidimensional não-métrico (NMDS) mostrou que houve pouca diferença entre a estrutura das comunidades de Mucoromycota nas altitudes estudadas. Os isolados distribuídos no gráfico foram os que apresentaram maior influência estatística ($P < 0.05$). No geral, a comunidade Mucoromycota da altitude 1 foi positivamente influenciada pelas concentrações de K, Na e P, como também pela H+Al do solo, sendo negativamente influenciada pela presença de Mg, Ca e pelo pH. A comunidade de Mucoromycota na altitude 2 foi positivamente influenciada pelo pH do solo, e na altitude 3 as concentrações de Mg, Ca e o pH foram os fatores que influenciaram positivamente essas espécies. Todas as espécies das altitudes 2 e 3 foram negativamente influenciadas por K, Na e P, como também pela H+Al do solo. A altitude 1 (800) influenciou positivamente as espécies *A. cornuta*, *A. pernambucoensis*, *A. saloaensis*, *B. locustae* e *M. circinatus*. Destaca-se que os fatores ambientais que influenciaram positivamente a ocorrência de *A. cornuta*, foram as concentrações de K e P no solo. As demais espécies não apresentaram correlação direta com a altitude ou pelos teores de elementos químicos no solo (Figura 9).

Figura 9 – Estrutura das comunidades de Mucoromycota (β -diversidade) em solos amostrados em três gradientes de altitude do brejo de altitude Taquaritinga do Norte - PE.



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

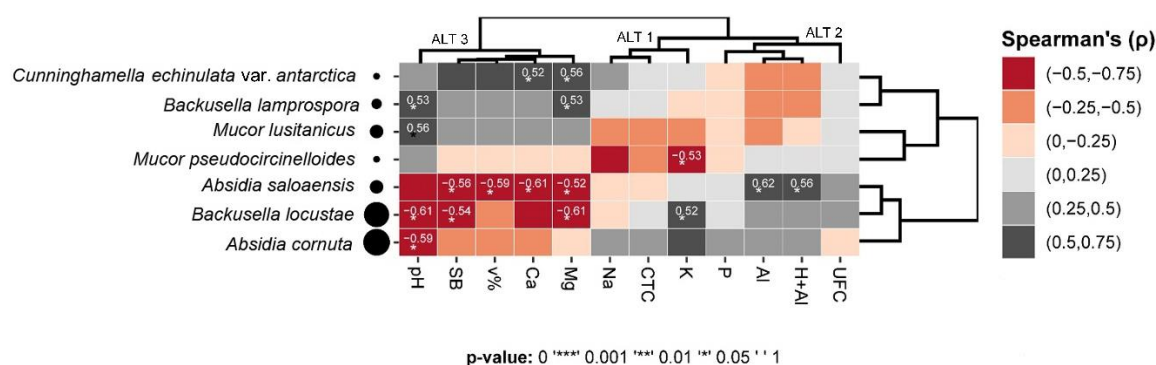
Os círculos indicaram as amostras independentes de solos. Os vetores apontaram os scores das principais variáveis químicas do solo, excluindo as com alta colinearidade (redundantes). As variáveis significativas ($p < 0.05$) foram precedidas por um ou mais asterisco (*), de acordo com análise de permutação multivariada (PERMANOVA), incluindo os dois eixos principais da análise canônica de coordenadas principais (CAP). As espécies de fungos foram identificadas pelos códigos padronizados, sendo o tamanho no gráfico proporcional a contribuição da espécie na explicação da variância total. AAGUA: *Absidia aguabelensis*; ACAAT: *Absidia caatingaensis*; ACORN: *Absidia cornuta*; AMULT: *Absidia multisporea*; APERN: *Absidia pernambucoensis*; ASALO: *Absidia saloaensis*; B1086: *Backusella* sp. 1086; BBRASP1016: *Backusella brasiliensis*; BCONS: *Backusella constricta*; BLAMP: *Backusella lamprospora*; BLOCU: *Backusella locustae*; BPERSP1: *Backusella pernambucensis*; CIRMUS: *Circinella muscae*; CBERT: *Cunninghamella bertholletiae*; CECANT: *Cunninghamella echinulata* var. *antarctica*; CECEC: *Cunninghamella echinulata* var. *echinulata*; GBRAS: *Gongronella brasiliensis*; GBUTL: *Gongronella butleri*; GPEDRA: *Gongronella pedratalhadensis*; MCIRCI: *Mucor circinatus*; MCIRCINE: *Mucor circinelloides*; MJANS: *Mucor jansseni*; MLUSIT: *Mucor lusitanicus*; MMIN: *Mucor minutus*; MPSEUC: *Mucor pseudocircinelloides*; MRAMOS: *Mucor ramosissimus*; MSEPT: *Mucor septatum*; MSOUZ: *Mucor souzae*; MSUBT: *Mucor subtilissimus*; MVARI: *Mucor variicolumellatus*; RARAR: *Rhizopus arrhizus* var. *arrhizus*; RARDE: *Rhizopus arrhizus* var. *deleamar*; RSTOL: *Rhizopus stolonifer*; UMBISA: *Umbelopsis isabellina*.

De acordo com o coeficiente ρ (rho) de Spearman as espécies da comunidade de Mucoromycota na altitude 3 foram, de forma geral, influenciadas positivamente ou negativamente pelos teores de Mg, Ca, pelo pH, SB e pela V%. Enquanto o teor de K foi o mais associado com as espécies da altitude 1, influenciando positivamente a presença de *A. cornuta* e *B. locustae* e negativamente a presença de *M. pseudocircinelloides* nessa altitude. Para altitude 2, a H+Al e a presença do Al parecem ser os fatores mais correlacionados com as espécies,

principalmente com *A. saloaensis* que positivamente foram influenciadas pelo teor dessas variáveis ambientais no solo (Figura 10).

Analisando diretamente as variáveis ambientais com as espécies da comunidade, observa-se que Mg, Ca, V%, a SB e o pH influenciaram negativamente as espécies dos gêneros *Absidia* e *Backusella*. *Backusella lamprospora* e *M. lusitanicus* foram correlacionados positivamente com o pH do solo, enquanto *A. saloaensis* foi correlacionada positivamente com a H+Al do solo e com Al, e *B. locustae* foi positivamente influenciada pelo teor de K no solo da altitude 2. Em contrapartida, *M. pseudocircinelloides* apresentou correlação negativa para mesma variável na mesma altitude (Figura 10).

Figura 10 – Associações monotônicas entre a ocorrência de espécies de Mucoromycota e as variáveis químicas do solo, no brejo de altitude Taquaritinga do Norte - PE.

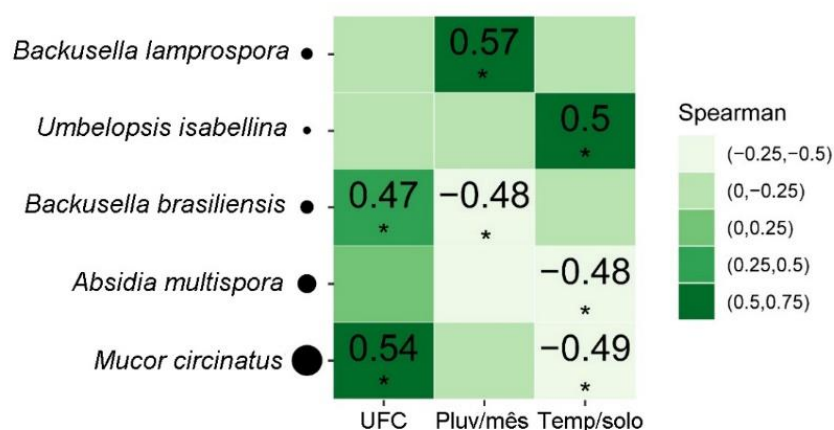


Cordeiro, T.R.L. (2023).

As correlações entre variáveis foram representadas por retângulos numa escala de coloração discreta (sete níveis), analisados de acordo com o coeficiente ρ (rhô) de Spearman. Apenas foram demonstradas as espécies que apresentaram correlação significativa com ao menos uma variável do solo. Os dendrogramas representam a disparidade entre variáveis, usando uma função "find_dend" do pacote "heatmaply" para encontrar a "ótima" ordenação para os dados. Os círculos fazem referência à abundância relativa das espécies, proporcional ao diâmetro.

A ocorrência de *M. circinatus* e *B. brasiliensis* foi positivamente influenciada pela presença de outros espécimes da comunidade de Mucoromycota. A pluviosidade influenciou positivamente a ocorrência de *B. lamprospora*, enquanto *B. brasiliensis* foi negativamente correlacionada com essa mesma variável. Embora a temperatura do solo tenha influenciado positivamente a ocorrência de *U. isabellina*, percebe-se que essa variável influenciou negativamente na ocorrência de *A. multispora* e *M. circinatus* (Figura 11).

Figura 11 – Associações monotônicas entre ocorrência de espécies de fungos e variáveis físico-químicas do solo do brejo de altitude Taquaritinga do Norte - PE.

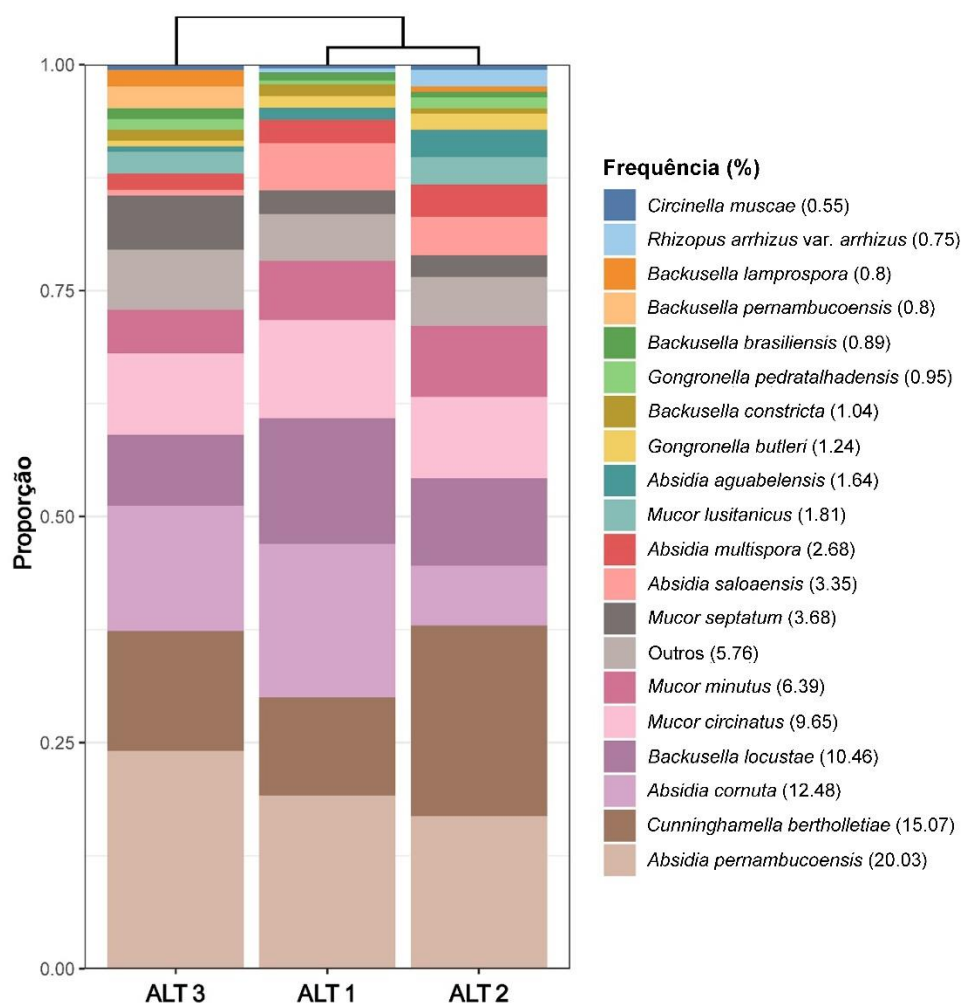


Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

As correlações entre variáveis foram representadas por retângulos numa escala de coloração discreta (cinco níveis), analisados de acordo com o coeficiente ρ (rho) de Spearman. Apenas foram demonstradas as espécies que apresentaram correlação significativa com ao menos uma variável analisada. Os dendrogramas representam a disparidade entre variáveis, usando uma função "find_dend" do pacote "heatmaply" para encontrar a "ótima" ordenação para os dados. Os círculos fazem referência à frequência relativa das espécies, proporcional ao diâmetro.

De acordo com a matriz de distância, calculada pela correlação de Spearman e, levando em consideração a frequência relativa dos Mucoromycota no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte - PE, observou-se quais comunidades foram mais próximas entre as três altitudes averiguadas. A comunidade de Mucoromycota foi mais semelhante entre as altitudes 1 e 2, enquanto o perfil da comunidade de Mucoromycota na altitude 3 foi distinto das demais altitudes. As espécies de Mucoromycota que apresentaram maior frequência relativa, no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte, foram *A. pernambucoensis* (20,03%), *C. bertholletiae* (15,07 %) e *A. cornuta* (12,48%) (Figura 12).

Figura 12 – Composição relativa das espécies fúngicas mais frequentes em três gradientes de altitude no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte - PE.



Cordeiro, T.R.L. (2023).

Através de paleta de cores, foram identificadas as 19 espécies mais abundantes apresentadas em ordem crescente (de cima para baixo). As espécies remanescentes foram contabilizadas no cluster denominado “Others”. O dendrograma na parte superior identifica o grau de aproximação entre as altitudes de acordo com análise de correlação de Spearman.

Com relação à abundância relativa, a maioria das espécies isoladas do solo do brejo de altitude de Taquaritinga do Norte foram raras (<1,5%) nas três altitudes, com poucas espécies abundantes (>6,5%).

Na altitude 1, *A. pernambucoensis* foi a espécie mais abundante (A.R = 19,13%), seguida por *A. cornuta* (A.R = 16,96%) e *B. locustae* (A.R = 14,35%). Na altitude 2, a espécie mais abundante foi *C. bertholletiae* (A.R = 21,08%), seguida por *A. pernambucoensis* (A.R = 16,87%) e *B. locustae* (A.R = 9,64%), enquanto, na altitude 3, *A. pernambucoensis* foi a espécie mais abundante (A.R = 24,1%), seguida por *A. cornuta* (A.R = 13,86%) e *C. bertholletiae* (A.R

= 13,25%). *Absidia pernambucoensis* foi a espécie mais abundante no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte (Tabela 8).

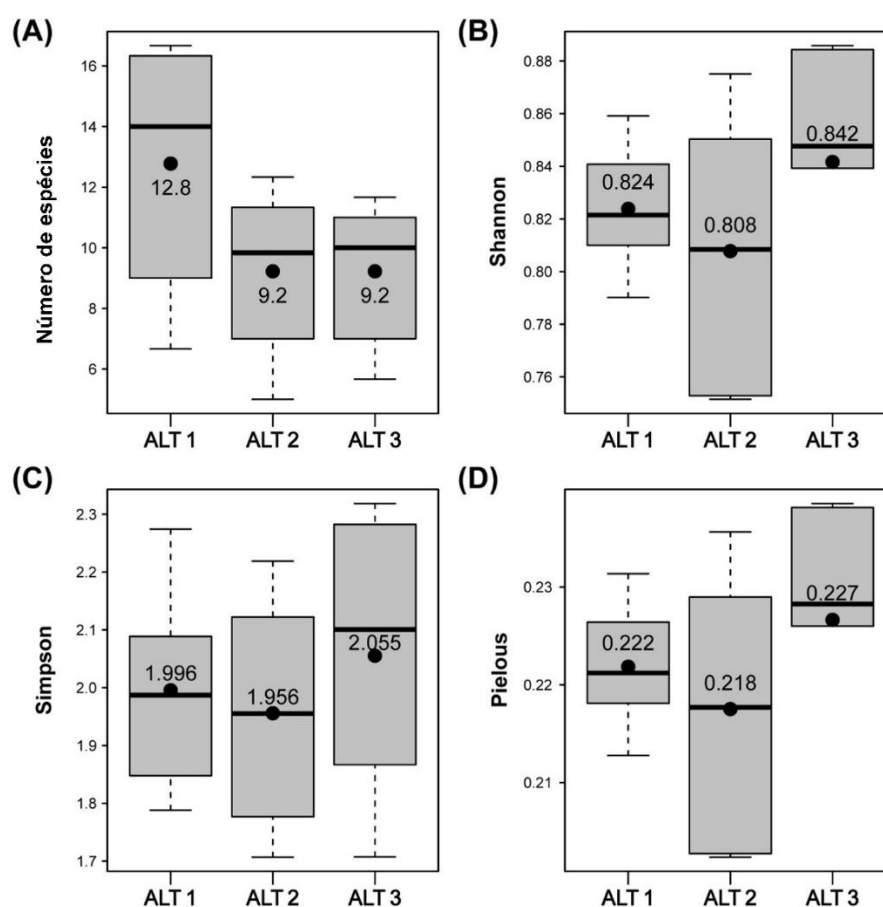
Tabela 8 – Abundância relativa das espécies de Mucoromycota no solo do brejo de altitude de Taquaritinga do Norte – PE.

MUCOROMYCOTA	ALT1	A.R	ALT2	A.R	ALT3	A.R
<i>Absidia aguabelensis</i>	1,30%	R	3,01%	O	0,60%	R
<i>A. caatingaensis</i>	0,00%	R	0,00%	R	0,60%	R
<i>A. cornuta</i>	16,96%	A	6,63%	C	13,86%	A
<i>A. multispora</i>	2,61%	O	3,61%	C	1,81%	O
<i>A. pernambucoensis</i>	19,13%	A	16,87%	A	24,10%	A
<i>A. saloaensis</i>	5,22%	C	4,22%	C	1,20%	R
<i>Backusella</i> sp. 1086	0,00%	R	0,00%	R	0,60%	R
<i>B. brasiliensis</i>	1,31%	R	1,81%	O	1,80%	O
<i>B. constricta</i>	1,30%	R	0,60%	R	1,20%	R
<i>B. lamprospora</i>	0,00%	R	0,60%	R	1,81%	O
<i>B. locustae</i>	14,35%	A	9,64%	A	8,43%	A
<i>Backusella pernambucensis</i>	0,00%	R	0,00%	R	2,41%	O
<i>Circinella muscae</i>	0,43%	R	0,60%	R	0,60%	R
<i>Cunninghamella bertholletiae</i>	10,87%	A	21,08%	A	13,25%	A
<i>C. echinulata</i> var. <i>antarctica</i>	0,00%	R	0,00%	R	1,20%	R
<i>C. echinulata</i> var. <i>echinulata</i>	0,00%	R	0,00%	R	0,60%	R
<i>Gongronella brasiliensis</i>	0,87%	R	0,00%	R	0,60%	R
<i>G. butleri</i>	1,30%	R	1,81%	O	0,60%	R
<i>G. pedratalhadensis</i>	0,43%	R	1,20%	R	1,20%	R
<i>M. circinatus</i>	10,87%	A	9,04%	A	9,04%	A
<i>M. circinelloides</i>	0,00%	R	1,20%	R	0,00%	R
<i>M. jansseni</i>	0,43%	R	0,00%	R	0,00%	R
<i>M. lusitanicus</i>	0,00%	R	3,01%	O	2,41%	O
<i>M. minutus</i>	6,52%	A	7,83%	A	4,82%	C
<i>M. pseudocircinelloides</i>	0,00%	R	1,20%	R	0,00%	R
<i>M. ramosissimus</i>	0,43%	R	0,60%	R	0,60%	R
<i>M. septatum</i>	2,61%	O	2,41%	O	6,02%	C
<i>M. souzae</i>	0,43%	R	0,00%	R	0,00%	R
<i>M. subtilissimus</i>	0,43%	R	0,00%	R	0,00%	R
<i>M. variicolumellatus</i>	0,00%	R	0,00%	R	0,60%	R
<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i>	0,43%	R	1,81%	O	0,00%	R
<i>R. arrhizus</i> var. <i>delemar</i>	0,43%	R	0,00%	R	0,00%	R
<i>R. stolonifer</i>	0,43%	R	0,60%	R	0,00%	R
<i>Umbelopsis isabellina</i>	0,43%	R	0,60%	R	0,60%	R

Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

De acordo com os gráficos de dispersão de α -diversidade, não houve diferença significativa entre as altitudes estudadas com relação à riqueza, índices de α -diversidade e equitabilidade, na área estudada (Figura 13).

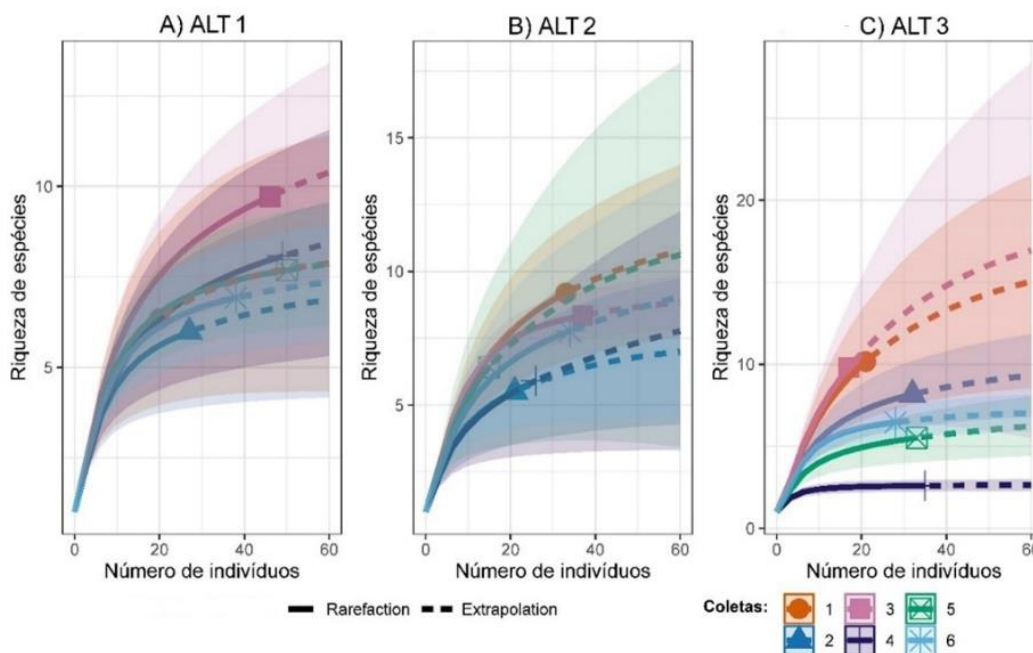
Figura 13 – Dispersão dos índices de α -diversidade para comunidades Mucoromycota em diferentes gradientes de altitude do brejo de altitude Taquaritinga do Norte-PE. 800m (ALT1), 900m (ALT2) e 1000m (ALT3). (A) número de espécies; (B) Índice de diversidade de Shannon-Wiener; (C) índice de diversidade de Simpson; (D) índice de equabilidade de Pielous. De acordo com análise dos pressupostos, em todos os casos, os resíduos foram considerados normais e as variâncias foram homogêneas pelos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett, respectivamente, ambos ao nível de 5% de significância ($p = 0.05$). De acordo com o teste F, as médias não diferiram ($p = 0.05$).



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

Na altitude 1, a coleta 3 foi a que proporcionou o maior número de espécies isoladas (Figura 14-A). As coletas 1 e 5 foram as mais promissoras, em relação à riqueza, para a altitude 2 (Figura 14-B). Na altitude 3 maior número de espécies foram isoladas nas coletas 1 e 3 (Figura 14-C). Embora tenham sido realizadas seis expedições para coleta de solo e isolamento de Mucoromycota, o esforço amostral não foi suficiente para que a riqueza esperada fosse atingida nos três gradientes de altitude (Figura 14-A,B,C).

Figura 14 – Riquezas observadas e extrapolações para espécies fúngicas encontradas em diferentes expedições (coletas) dentro de cada nível gradiente de altitude do brejo de altitude Taquaritinga do Norte-PE. (A) ALT.1; (B) ALT.2; (C) ALT.3. Linhas contínuas representam a curva ajustada e a pontilhada indica a extrapolação da riqueza para o caso em que o número de indivíduos coletados supera o observado.



Fonte: Cordeiro, T.R.L. (2023).

Dos isolados do solo do brejo de Taquaritinga do Norte, *Backusella* sp. 1086 apresentou variações morfológicas que o diferenciou das demais espécies do gênero. Análises moleculares, envolvendo as regiões ITS e LSU do rDNA, confirmaram que o referido isolado representa uma nova espécie, cuja descrição morfológica está em andamento.

6 DISCUSSÃO

Os Mucoromycota são fungos basais agrupados no sub-reino Mucoromyceta (Tedersoo *et al.* 2018; Wijaywardene *et al.* 2022). Embora esses fungos sejam encontrados nos mais diversos substratos (Hoffmann *et al.* 2013), o solo vem sendo o principal habitat estudado para conhecer as comunidades dos fungos desse filo. Como decompositores primários de matéria orgânica, esses fungos são importantes nos processos de sucessão ecológica (Richardson, 2008; Richardson & Rautemaa-Richardson, 2020; Lima *et al.* 2020). Contudo, são escassos os trabalhos que reportam como as comunidades de Mucoromycota são estruturadas no solo, bem como as variáveis ambientais e físico-químicas do solo influenciam essas comunidades (Lima *et al.* 2020).

Embora os fungos zigospóricos do solo apresentem menor riqueza de espécies, em comparação com fungos dicarióticos, novos estudos têm mostrado que a riqueza desses fungos é maior que do se pensava, o que tem sido evidenciado inclusive com as descrições de novas espécies. No Brasil, por exemplo, aproximadamente 30 espécies de Mucoromycota foram descritas pela primeira vez, nos últimos 10 anos. Entre essas novidades descritas para esse país, *A. aguabelensis*, *A. bonitoensis*, *A. multispora*, *A. saloaensis*, *B. azygospora*, *B. brasiliensis*, *B. obliqua*, *B. pernambucensis*, *G. brasiliensis*, *M. pernambucoensis*, *M. septatum*, *M. souzae* e *U. heterosporus* foram isoladas de solos de enclaves de florestas úmidas em Pernambuco (de Souza *et al.* 2017; Crous *et al.* 2018; de Lima *et al.* 2018; Crous *et al.* 2019; Cordeiro *et al.* 2020; De Lima *et al.* 2021; Leitão *et al.* 2021; de Lima *et al.* 2022; Cordeiro *et al.* 2023).

Até o momento, as comunidades de Mucoromycota nos brejos de altitude nordestinos só foram inventariadas nos brejos de Triunfo (Santiago *et al.* 2013; de Souza, 2019), Serra dos Cavalos, Serra Negra, Brejo do Jenipapo (Alves, 2016), Bonito, Camocim de São Felix (de Lima, 2018), Taquaritinga do Norte, Brejo da Madre de Deus (de Souza, 2019), Serra do Jardim e Serra do Vento (Alves, 2021), Serra do Benedito e na Serra do Comunaty (Lundgren, 2021), sendo todos os brejos localizados no estado de Pernambuco. Nesse contexto, esse estudo reporta, o maior número de espécies de Mucoromycota isoladas do solo para o Brasil, principalmente quando comparado a outros estudos de inventários taxonômicos de brejos de altitude de Pernambuco (Santiago *et al.* 2013; Alves 2016; de Lima 2018; de Souza, 2019; Alves, 2021; Lundgren, 2021), tendo sido isoladas 59 espécies e seis variedades distribuídas entre os gêneros: *Absidia*, *Backusella*, *Circinella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Lichtheimia*, *Mucor*, *Rhizopus* e *Umbelopsis*. Dos isolados desse estudo, três novas espécies já foram publicadas (*B. azygospora*, *A. multispora* e *A. saloaensis*) (Crous *et al.* 2019; Cordeiro *et al.*

2020) e outras 10 novas espécies (*Absidia* sp. 257, sp. 347, sp. 500, sp. 594, *Backusella* sp. 82, sp. 478, sp. 707, sp. 712, sp. 817 e sp. 1086) serão publicadas em breve, tão logo as análises moleculares e morfológicas sejam finalizadas.

6.1 BREJO DE ALTITUDE DA RPPN RESERVA NATURAL BREJO

Dos solos inventariados no presente estudo, observa-se que a maioria das espécies isoladas não foram exclusivas em cada um dos gradientes estudados, tendo o maior número de UFC de Mucoromycota sido observado no solo da altitude 2, com destaque para *M. jansseni* e *C. bertholletiae* (Tabela 5). Os resultados aqui apresentados são parcialmente corroborados pelos de Lima (2018) e de Souza (2019), nos quais *C. bertholletiae* também foi a espécie com o maior número de UFC.g⁻¹ de solo nos brejos da Serra do Bonito e da Serra do Bituri, respectivamente. *Cunninghamella bertholletiae* também foi a espécie com maior valor de UFC.g⁻¹ nos gradientes de (600 e 900 m) da Serra do Comunaty, na cidade de Águas Belas, segundo Lundgren (2021), sendo esses resultados semelhantes aos do presente estudo, em que *C. bertholletiae* também foi a espécie com maior número de UFC.g⁻¹ de solo nas altitudes 2 (900 m) e 3 (1000 m).

Mucor jansseni nunca foi reportado com destaque nos demais trabalhos sobre as comunidades de Mucoromycota em solos de brejos de altitude, embora Lundgren (2021) tenha reportado outras espécies do gênero *Mucor* (ex: *M. circinelloides* e *M. fragilis*) com elevados valores de UFC para solo dos brejos de altitude da Serra do Comunaty e da RPPN do Benedito. Em contrapartida, a mesma autora reporta espécies de *Umbelopsis* com elevado número de UFC, o que confronta os resultados aqui obtidos, em que apenas uma espécie de *Umbelopsis* foi isolada. Essa diferença entre os isolados de *Mucor* e *Umbelopsis* pode ser associada à distância geográfica entre os brejos, bem como às variáveis físico-químicas do solo das áreas estudadas.

Nesse estudo, as variações encontradas nas propriedades do solo entre as altitudes, influenciaram na estrutura da comunidade de Mucoromycota, agrupando as amostras de solo de acordo com seus parâmetros químicos e biológicos. O biplot de escalonamento não-métrico (NMDS) mostrou que os teores de K, Mg, Na, P, Ca, bem como a H⁺Al e a acidez do solo determinada pelo pH, influenciam as espécies dentro das comunidades de Mucoromycota nos gradientes de altitude do brejo da RPPN Reserva Natural Brejo (Figura 3). Essa influência fica bem evidente pela ocorrência de espécies como *M. jansseni*, que foi positivamente influenciada pela presença de Ca, P e Na, enquanto *C. echinulata* var. *antarctica* parece ter preferência por

solos ricos em Mg e K (Figura 3). Esses resultados indicam que essas espécies exibem preferências nutricionais diferentes, o que parece plausível, em se tratando de comunidades com diferentes espécies de fungos (Tabela 1). Lundgren (2021) inferiu que os teores de P e Na também influenciaram a comunidade de Mucoromycota no solo da RPPN do Benedito, e as concentrações de Mg, Na, P e K influenciaram a comunidade desses mesmos fungos no solo da Serra do Comunaty. É importante salientar que as concentrações de Na e K foram maiores na altitude 1 (800 m) e 2 (900 m), respectivamente, em comparação com a altitude 3 (1000 m). Provavelmente, muitos dos elementos presentes no solo estão sendo carregados gradualmente através do processo de lixiviação e, por isso, as espécies de Mucoromycota presentes nas altitudes mais baixas tendem a ser influenciadas por essas variáveis químicas, como também pela umidade do solo, visto que o transporte desses elementos ocorre através do escoamento de água.

Cunninghamella echinulata var. *antarctica* e *A. cornuta* foram influenciadas pelo pH do solo na altitude 1 (Figura 3), sendo que o solo dessa altitude foi o que apresentou pH mais elevado (pH médio = 7,4), quando comparado ao das altitudes 2 (pH médio = 5,7) e 3 (pH médio = 5,7) (Tabela 1). Diante do exposto, infere-se que o pH pode ter influenciado positivamente na presença de espécies que preferem pH levemente alcalino dentro da comunidade de Mucoromycota na altitude 1. Esse resultado indica, embora esses fungos exibam preferência por ambientes mais ácidos e neutros (Richardson & Rautemaa-Richardson 2020), que algumas espécies podem crescer ou até exibirem preferência por ambientes neutros a levemente alcalinos. Lima *et al.* (2020) inferiram que o pH foi o principal atributo edáfico que influenciou a composição, riqueza e abundância das comunidades de fungos mucoraleanos em solos da Mata Atlântica. Com relação ao presente estudo, não se pode afirmar que o pH é o principal atributo do solo a influenciar as comunidades de Mucoromycota, até porque fica claro, pela figura 6, que não houve diferenças na riqueza e diversidade de espécies entre os gradientes estudados. No entanto, as figuras 3 e 4 mostram que o pH pode influenciar positivamente ou negativamente algumas espécies e, portanto, pode exercer um papel significativo na composição das comunidades desse filo, no solo da RPPN Reserva Natural Brejo.

Segundo Ronquim (2010) a SB e a V% influenciam diretamente na fertilidade do solo. De acordo com esse autor, quando o solo apresenta V% acima de 50%, o mesmo é caracterizado como eutrófico (fértil), e os valores inferiores a 50% indicam um solo distrófico (pouco fértil). Relacionando a correlação dos isolados de Mucoromycota desse estudo com V% e os valores obtidos através da análise físico-química do solo (Tabela 1), conclui-se que o solo das altitudes 1 e 2 do brejo de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo é eutrófico, enquanto o

da altitude 3 é distrófico. Tal fato pode ajudar a entender o porquê das comunidades dos fungos zigospóricos dos gradientes 1 e 2 serem estruturalmente mais próximas (Figura 3). No entanto, parece que essa diferença de fertilidade pode ter influenciado a composição das espécies nas diferentes altitudes, mas não riqueza, diversidade e abundância de espécies de Mucoromycota entre os gradientes, como exposto na Figura 6.

Segundo o padrão de correlação de Spearman, *A. multispora* foi correlacionada positivamente com a $H+Al$, sendo o oposto observado para *A. cornuta*, *M. variicolumellatus* e *C. echinulata* var. *antarctica* que foram negativamente influenciadas por essa mesma variável (Figura 4). É importante destacar que a $H+Al$ está intimamente relacionada à quantidade de matéria orgânica nesse substrato. Ressalta-se que solos com altas concentração de $H+Al$ tendem a apresentar o pH mais ácido, de acordo com Prezotti & Guarçoni (2013). Dessa forma, percebe-se que as espécies que foram influenciadas positivamente pela concentração de $H+Al$, foram as que apresentaram correlação negativa com o pH e vice-versa. Esse mesmo padrão também pode ser visto nos dados obtidos por Lundgren (2021), em que *G. butleri* foi negativamente influenciada pela $H+Al$ e positivamente correlacionada com o pH no solo da Serra do Benedito, assim como *M. plumbeus*, que foi negativamente influenciado pelo pH e positivamente influenciado $H+Al$, no solo da Serra do Comunaty.

Os resultados desse trabalho também indicaram que a CTC influenciou positivamente espécies de *Backusella* e *Mucor* (com exceção de *M. souzae*, que foi negativamente influenciado por essa variável) (Figura 4). Interessante notar que, no trabalho de Lundgren (2021), algumas espécies de *Mucor* foram positivamente e negativamente influenciadas pelo CTC. Entretanto, apenas *M. variicolumellatus* foi comum nas análises de Spearman realizadas aqui e pela autora supracitada, o que dificulta comparações sobre influência da CTC nas espécies desse gênero. No entanto, pelo menos para *M. variicolumellatus*, a influência dessa variável parece plausível. O mesmo pode ser observado para *B. lamprospora*, que também foi positivamente influenciada pela CTC no trabalho de Lundgren (2021). Como das sete espécies de *Mucor* avaliadas por Lundgren (2021), quatro foram negativamente influenciadas pela CTC, isso indica que pode haver variações na influência dessa variável para cada espécie. Deve-se considerar que as relações das variáveis dos solos com as espécies de Mucoromycota podem ser extremamente complexas, visto que o grau de influência de uma variável do solo em uma determinada espécie pode variar de acordo com o tipo de solo onde essa espécie se encontra. Além disso, é muito difícil, senão impossível, tentar entender o efeito isolado de uma determinada variável na estruturação das comunidades de Mucoromycota, já que o solo é um

ecossistema extremamente complexo, onde os seus atributos devem influenciar conjuntamente as espécies ali presentes.

Os resultados desse trabalho também indicaram que a temperatura do solo influenciou negativamente a ocorrência de *A. saloaensis* e *A. pernambucoensis*, enquanto a pluviosidade influenciou positivamente a presença *L. brasiliensis*, *M. circinelloides* e *B. lamprospora*, no solo da RPPN Reserva Natural Brejo (Figura 5). Lundgren (2021) indicou que a precipitação pluviométrica influencia diretamente na composição das espécies de Mucoromycota. A autora observou que a pluviosidade atuou positivamente sobre espécies dos gêneros *Mucor*, *Backusella* e *Cunninghamella*, e negativamente nas espécies de *Umbelopsis*, nos solos dos brejos da Serra do Comunaty e Serra do Benedito. Destaca-se que espécies de todos os gêneros supracitados também foram isoladas no presente estudo, contudo, os valores de influência de precipitação pluviométrica e temperatura do solo não foram significativos para estabelecer uma correlação dessas variáveis com a única espécie de *Umbelopsis* isolada nesse estudo (*U. isabellina*). Como o observado para as variáveis do solo, é possível que a temperatura e pluviosidade influenciem de diferentes formas as espécies dentro de um mesmo gênero. O que se sabe é que a maioria dos fungos da ordem Mucorales preferem ambientes úmidos para o seu desenvolvimento, sendo mesofílicos, com exceção de algumas espécies de *Lichtheimia*, *Rhizomucor*, *Rhizopus* e *Syncephalastrum*, que são termotolerantes (Richardson, 2009; Benny *et al.* 2016).

Foi observado que as comunidades de Mucoromycota das altitudes 1 e 2 do brejo da RPPN Reserva Natural Brejo são mais semelhantes com relação à composição de espécies, em comparação com a comunidade da altitude 3 (Figuras 3 e 6), que pode ter ocorrido pelo fato do solo das altitudes 1 e 2 ser eutrófico, enquanto a altitude 3 possui solo distrófico, como relatado anteriormente. Interessante notar que poucas espécies foram frequentes nas três altitudes do brejo da RPPN Reserva Natural Brejo, como *M. jansseni*, *A. cornuta*, *A. pernambucoensis* e *C. bertholletiae*, com a maioria das espécies não sendo exclusivas para uma determinada altitude (Figura 6). Esses dados corroboram com os obtidos por Lundgren (2021), que reportou que *C. bertholletiae* como frequente no solo do brejo da Serra do Comunaty, representando 14,98% de frequência entre as espécies isoladas em seu estudo. A autora também frisou que *C. bertholletiae* foi mais frequente no topo do brejo da Serra do Comunaty (900 m), assim como nesse estudo, em que *C. bertholletiae* foi a espécie mais frequente na altitude 3 (1000 m), no solo da RPPN Reserva Natural Brejo. Adicionalmente, *C. bertholletiae* também foi citada como frequente por de Lima (2018) no solo dos brejos da Serra de Bonito, em Bonito e no Sítio da Palmeira, em Camocim de São Félix.

Em relação à abundância relativa, a maioria das espécies isoladas, em cada uma das três altitudes avaliadas, no brejo da RPPN Reserva Natural Brejo, foram consideradas raras ($<1,5\%$) e poucas espécies foram consideradas abundantes ($>6,5\%$). Esse resultado reforça nosso conhecimento sobre as comunidades de Mucoromycota em solo, cuja maioria das espécies é rara em comparação com as espécies de outros grupos de fungos (ex: ascomicetos) (Lima, 2018). *Mucor jansseni* foi a espécie mais abundante nas altitudes 1 e 2, embora a mesma não tenha sido abundante na altitude 3, onde *C. bertholletiae* apresentou maior abundância (Tabela 6). De Lima (2018) reportou que *C. bertholletiae* foi uma das espécies mais abundantes nos solos dos brejos da Serra do Bonito e na Serra das Palmeiras. Corroborando com esse estudo e com os dados obtidos por de Lima (2018), de Souza (2019) também citou *C. bertholletiae* como uma das espécies mais abundantes nos solos dos brejos da Serra do Bituri e Taquaritinga do Norte. No entanto, todos esses resultados contrapõem os reportados por Santiago *et al.* (2013), em que *A. cylindrospora* var. *cylindrospora* e *C. echinulata* var. *echinulata* foram as espécies mais abundantes, no brejo de altitude de Triunfo. Essa diferença pode ser associada ao fato do brejo de altitude estudado por Santiago *et al.* (2013) ser localizado no sertão, uma área mais seca e com menor índice pluviométrico, diferente das áreas aqui estudadas e das inventariadas pelos demais autores supracitados, que se localizam no agreste pernambucano.

A análise da composição de espécies e divergência de diversidade, com base no teste F, mostrou que não houve diferenças significativas nas médias de número de espécies, diversidade e equitabilidade nas três altitudes da RPPN Reserva Natural Brejo (Figura 7-A,B,C,D). Esses resultados corroboram, em parte, pelos obtidos por de Lundgren (2021), em que a estrutura das comunidades de Mucoromycota variou com a elevação do terreno no brejo de altitude da Serra do Comunaty, mas não houve variação na diversidade desses fungos. Contudo, destaca-se que a autora reportou que a riqueza de espécies de Mucoromycota a 900 m de altitude foi superior às observadas a 300 e 600 m, indicando que a altitude pode influenciar a riqueza das espécies de Mucoromycota no solo, o que não foi observado no presente estudo. Essa diferença entre os resultados sobre a riqueza das espécies aqui obtidas e os de Lundgren (2021) pode ser associada tanto à distância geográfica, variáveis ambientais e físico-químicas do solo, como também as altitudes verificadas em cada um dos inventários. Ressalta-se que Lundgren (2021) realizou parte de sua pesquisa no brejo de altitude da Serra do Comunaty, uma área que envolve espécies típicas da Caatinga (fundo – 300 m), área de transição (meio – 600 m) e área de brejo de altitude (topo – 900 m), o que demonstra que além das variáveis físico-químicas do solo, a comunidade de Mucoromycota também foi influenciada pela vegetação nativa de cada um desses gradientes. Além disso, o fato de não terem sido verificadas diferenças entre a diversidade e riqueza de

espécies entre os gradientes altitudinais da RPPN Reserva Natural Brejo, pode ter relação com a pequena distância (100 m) entre cada gradiente de onde as amostras de solo foram coletadas. Embora tenham sido verificadas diferenças entre os atributos do solo entre cada gradiente, essas diferenças podem não ter sido suficientes para influenciar na diversidade e na riqueza de espécies em cada gradiente.

A riqueza observada em todas as altitudes (1, 2 e 3) do brejo RPPN Reserva Natural Brejo ficou abaixo da esperada (Figura 8-A,B,C), o que sugere que coletas de solo adicionais devem ser realizadas para que a riqueza esperada seja atingida. Ressalta-se que são escassos os trabalhos sobre a comunidade de Mucoromycota em solo de brejos de altitude em que a riqueza esperada desses fungos foi atingida. Esse padrão, em que a riqueza atingida não foi a esperada, também foi observado por de Lima (2018) para os brejos da Serra do Bonito e Serra da Palmeira de Souza (2019) para os brejos da Serra do Bituri, Taquaritinga do Norte e Carro Quebrado e por Alves (2021) para os brejos da Serra do Jardim, da Serra do Vento e Serra do Benedito.

6.2 BREJO DE ALTITUDE DE TAQUARITINGA DO NORTE

A maioria das espécies de Mucoromycota nos três gradientes altitudinais, no brejo de altitude de Taquaritinga do Norte, não foram exclusivas de um determinado gradiente. O maior número de UFC.g⁻¹ de solo foi observado na altitude 1, sendo *A. pernambucoensis* e *C. bertholletiae* as espécies com maiores valores de UFC.g⁻¹ de solo na área de estudo (Tabela 7). Esses dados corroboram os observados para o outro brejo analisado nesse mesmo estudo (RPPN Reserva Natural Brejo), bem como os reportados por de Lima (2018), de Souza (2019) e Lundgren (2021) para os brejos da Serra do Bonito, Serra do Bituri e Serra do Comunaty, respectivamente. Ao que parece, essas espécies estão muito bem adaptadas no solo de brejos de altitude localizados no agreste pernambucano.

Assim como para o brejo da RPPN Reserva Natural Brejo, a comunidade de Mucoromycota do brejo de Taquaritinga do Norte também sofreu influência dos teores de K, Mg, Na, P, Ca, H+Al e pelo pH, como foi evidenciado pelo biplot de escalonamento não-métrico (NMDS) (Figura 9). Contudo, a influência das variáveis em cada uma das altitudes não foi homogênea. As variáveis P, Na, K e H+Al influenciaram positivamente a ocorrência de espécies na altitude 1, o pH foi o fator que exerceu maior influência nas espécies da altitude 2, enquanto para altitude 3, Mg e Ca foram mais influentes nas espécies ali existentes (Figura 9). É importante ressaltar que os dados sobre a influência das variáveis ambientais obtidos para cada uma das altitudes do brejo de Taquaritinga do Norte, contrapõem, em parte, os resultados

obtidos para RPPN Reserva Natural Brejo, em que as espécies da altitude 1 foram influenciadas positivamente pelas concentrações de K, Mg, Na, P, Ca e pelo pH, enquanto o Ca, P e Na foram positivamente influentes na altitude 2, e a H+Al foi positivamente influente na altitude 3. Dessa forma, pode-se perceber que os atributos do solo variam consideravelmente entre os gradientes dentro um mesmo brejo, mas também entre os diferentes brejos de altitude do agreste pernambucano e, por isso, a estrutura da comunidade de Mucoromycota varia em composição tanto entre os gradientes, como também entre uma área e outra. Esse fato pode ser explicado analisando-se a influência positiva que as variáveis ambientais de cada altitude mantiveram sobre a ocorrência das espécies. Por exemplo, *A. pernambucoensis* foi influenciada positivamente pela concentração de H+Al na altitude 1 do solo de Taquaritinga do Norte (Figura 9), e foi influenciada pela mesma variável na altitude 2 no solo da RPPN Reserva Natural Brejo (Figura 3). Já *A. cornuta* foi influenciada positivamente pelas concentrações de P, K e Na na altitude 1 do brejo de Taquaritinga (Figura 9) e pelas mesmas variáveis (como também pelo pH e o Mg no solo) do brejo da RPPN Reserva Natural Brejo (Figura 3). Embora a maioria das espécies de Mucoromycota não pareçam sofrer influência desses atributos, possivelmente, essas poucas espécies exibem predileção por determinados componentes físico-químicos para seu crescimento e o fator altitude pode contribuir para o estabelecimento dessas espécies nas comunidades de Mucoromycota.

Absidia pernambucoensis, *A. saloaensis* e *B. locustae* foram influenciadas negativamente pelo pH do solo do brejo de Taquaritinga do Norte (Figura 10). Essas espécies exibiram maiores números de UFC na altitude 1, onde o pH foi mais ácido (pH médio = 4,62), quando comparadas às das altitudes 2 (pH médio = 5,61) e 3 (pH médio = 5,63) (Tabela 2). Os solos com pH ácido apresentam maiores concentrações de H+Al e essas duas variáveis parecem ter sido as que mais influenciaram a presença de espécies de *Absidia* e *Backusella* no solo do brejo de Taquaritinga do Norte (Figura 10), como também no solo da RPPN Reserva Natural Brejo (Figura 4). Esse mesmo padrão de gêneros que foram mais influenciados pelo pH e pela H+Al também foi evidente nos resultados obtidos por Lundgren (2021) para os solos dos brejos de altitude da RPPN do Benedito e da Serra do Comunaty.

O padrão de correlação de Spearman também permitiu estabelecer que a presença de *C. echinulata* var. *antarctica*, *B. lamprospora* e *M. lusitanicus* foi positivamente influenciada pelas concentrações de Mg e Ca (Figura 10), principalmente na altitude 3, onde a concentração desses cátions foi bem maior do que nas demais altitudes (Tabela 2). Essa correlação entre espécies-variáveis-altitude pode talvez ser explicada pela presença de solo argiloso no brejo de Taquaritinga do Norte, sabendo-se que solos que apresentam menor porosidade acabam retendo

mais nutrientes em sua camada superior, pois o processo de escoamento de água e lixiviação não é tão facilitado como em solos com maior quantidade de areia (Pequeno *et al.* 2002).

Os resultados da correlação de Spearman também permitiram identificar que a precipitação pluviométrica influenciou positivamente a ocorrência de *B. lamprospora* no solo do Brejo de Taquaritinga do Norte (Figura 11). Esse mesmo padrão de correlação positiva foi visto para os isolados da mesma espécie no brejo da RPPN Reserva Natural Brejo (neste estudo) e por Lundgren (2021), no brejo da RPPN do Benedito. No entanto, destaca-se, que *B. brasiliensis* foi influenciada negativamente pela pluviosidade no solo do brejo de Taquaritinga do Norte (Figura 11), o que nos mostra, mais uma vez, que as espécies de um mesmo gênero podem ser influenciadas de formas diferentes pelos atributos do solo.

Dos solos inventariados no presente estudo, os coletados nas altitudes 1 e 2, no brejo de Taquaritinga do Norte, são mais semelhantes em comparação com o solo da altitude 3 (Figura 12). Essa maior semelhança entre as comunidades mucoraleanas das altitudes 1 e 2 pode ser associada à fertilidade desses solos, já que ambos são poucos férteis, em comparação com o solo eutrófico da altitude 3. *Absidia pernambucoensis* (20,03%), *C. bertholletiae* (15,07 %) e *A. cornuta* (12,48%) foram as espécies mais frequentes no brejo de Taquaritinga do Norte, sendo a maioria das espécies isoladas do solo dessa área de estudo comuns às três altitudes. Contudo, *M. jansseni*, *M. souzae*, *M. subtilissimus* e *R. arrhizus* var. *delemar* só ocorreram na altitude 1, *Mucor circinelloides*, *M. pseudocircinelloides* foram apenas isoladas do solo da altitude 2 e *A. caatingaensis*, *Backusella* sp. 1086, *B. pernambucensis*, *C. echinulata* var. *antarctica*, *C. echinulata* var. *echinulata* e *M. variicolumellatus* só estiveram presentes no solo da altitude 3 (Tabela 7). *Absidia cornuta*, *A. pernambucoensis* e *C. bertholletiae* também foram as espécies mais frequentes na RPPN Reserva Natural Brejo, como também em outros trabalhos realizados em outros brejos de altitude localizados no agreste de Pernambuco por de Lima (2018), de Souza (2019) e Lundgren (2021), o que mostra que a ocorrência dessas espécies independe de fatores geográficos.

A maioria das espécies isoladas nos três perfis altitudinais foram raras, sendo apenas seis dessas abundantes no solo do brejo de Taquaritinga do Norte: *A. cornuta*, *A. pernambucoensis*, *B. locustae*, *C. bertholletiae*, *M. circinatus* e *M. minutus* (Tabela 8). Esse resultado já era esperado, visto que as comunidades de fungos mucoraleanos no solo são formadas por poucos indivíduos, quando comparadas com outros grupos de fungos (Lima *et al.* 2016).

Importante relatar que essa é a segunda vez em que *M. minutus* está sendo reportado para solos de brejos de altitude brasileiros, sendo que a primeira ocorrência dessa espécie, no

nordeste, foi reportada por Alves *et al.* (2021), no solo da Floresta do Jussará, no município de Gravatá, PE. Anteriormente, *M. minutus* só havia sido reportado por Schoenlein-Crusius *et al.* (2006) em solos de Floresta Atlântica, em Cubatão, São Paulo.

A análise da composição de espécies e divergência de diversidade mostrou que não houve diferença significativa entre a riqueza, diversidade e equitabilidade dos Mucoromycota entre as três altitudes no brejo de Taquaritinga do Norte (Figuras 13). Esses resultados corroboram com o observado para o brejo da RPPN Reserva Natural Brejo, mostrando que, embora, a composição das espécies de Mucoromycota possa ser modificada ao longo dos gradientes de altitude, a riqueza, a diversidade e a equitabilidade da comunidade não variam, apesar de Lundgren (2021) ter observado que a riqueza de espécies de Mucoromycota foi superior no solo coletado a 900 m do que a 600 e 300 m. É importante frisar que a menor altitude averiguada pela autora não correspondia a uma área de brejo de altitude propriamente dita, mas sim a uma área de Caatinga, enquanto a altitude de 600 m correspondia a uma faixa de transição entre Caatinga e brejo de altitude. Dessa forma, é provável que não apenas a altitude tenha influenciado na variação da riqueza entre os gradientes de altitude da Serra do Comunaty, mas todo um complexo fitogeográfico, ambiental e físico-químico dessa área.

Assim como reportado por de Lima (2018), para os brejos da Serra do Bonito e Serra da Palmeira, de Souza (2019) para os brejos da Serra do Bituri, Taquaritinga do Norte e Carro Quebrado, Alves (2021) para os brejos da Serra do Jardim, da Serra do Vento e Serra do Benedito, e nesse trabalho, para o brejo PPN Reserva Natural Brejo, a riqueza observada em todas as altitudes (1, 2 e 3) no brejo de Taquaritinga do Norte ficou abaixo do esperado (Figura 14), sugerindo que mais coletas precisam ser realizadas para que a riqueza seja atingida.

7 CONCLUSÃO

De acordo com os resultados obtidos no presente estudo, dentro das condições experimentais estabelecidas, conclui-se que:

- A composição das espécies de Mucoromycota do solo de brejos de altitude do agreste pernambucano varia de acordo com as características físico-químicas, ambientais e da altitude em que esses solos estão localizados.
- A altitude não influencia na riqueza, equitabilidade e diversidade de fungos mucoraleanos nos brejos de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo e do brejo de Taquaritinga do Norte.
- A diversidade e a riqueza de Mucoromycota é elevada no solo dos brejos de altitude supracitados.
- A precipitação pluviométrica influencia na composição das comunidades de Mucoromycota nos brejos de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo e do brejo de Taquaritinga do Norte.
- Dentro de um mesmo brejo, a influência dos atributos do solo nas comunidades dos Mucoromycota varia de acordo com a altitude, ou seja, as variáveis do solo que exercem maior influência na comunidade, em uma determinada altitude, não são as mesmas a influenciarem a comunidade em outros gradientes altitudinais.
- Os atributos do solo influenciam a comunidade de Mucoromycota de forma específica, ou seja, o grau influência dessas variáveis varia de acordo com a espécie do fungo.
- O solo dos brejos de altitude do agreste pernambucano abriga espécies novas, bem como primeiras ocorrências para o Brasil.
- *Absidia cornuta*, *Absidia pernambucoensis* e *Cunninghamella bertholletiae* são as espécies mais frequentes e abundantes nos solos dos brejos de altitude da RPPN Reserva Natural Brejo e de Taquaritinga do Norte.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ab'Saber, A.N. 2012. *Os domínios de natureza no Brasil: potencialidades paisagísticas*. São Paulo, Ateliê.
- Abe, A., Asano, K., Sone, T. 2010. A Molecular Phylogeny-Based Taxonomy of the Genus *Rhizopus*. *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry* 74(7): 1325–1331.
- Abe, A., Sujaya, I.N., Sone, T., Asano, K., Oda, Y. 2004. Microflora and selected metabolites of potato pulp fermented with an Indonesian starter Ragi Tapé. *Food Technology and Biotechnology* 42: 169–173.
- Abirami, S., Ragavi, R., Samrot, AV. 2020. Utilization of Keratinolytic *Lichtheimia corymbifera* AS1 for Degradation of Cattle Hoove – a Slaughter House Waste to Use in Plant Growth. *Biointerface Research in Applied Chemistry* 10(5): 6417–6426.
- Adamčík, S., Cai, L., Chakraborty, D., Chen, X.H., Cotter, H., Dai, D.Q., Dai, Y.C., Das, K., Deng, C., Ghobad-Nejhad, M., Hyde, K., Langer, E., Deepna Latha, K.P., Liu, F., Liu, S-L., Liu, T., LV, W., LV, S-X., Machado, A., Buyck, B., Y. 2015. Fungal biodiversity profiles 1–10. *Cryptogamie Mycologie* 36: 121-166.
- Akone, S., Rahn, S., Henrich, B., Daletos, G., Vardamides, J.C., Nkengfack, A., Lin, W., Lai, D., Proksch, P. 2014. 2-Pentenedioic acid derivatives from a soil-derived fungus *Gongronella butleri*. *Phytochemistry Letters* 10: 184–188.
- Alastruey-Izquierdo, A., Hoffmann, K., de Hoog, G.S. Rodriguez-Tudela, J., Voigt, K., Bibashi, E., Walther, G. 2010. Species recognition and clinical relevance of the zygomycetous genus *Lichtheimia* (syn. *Absidia* pro parte, *Mycocladius*). *Journal of Clinical Microbiology* 48: 2154–70.
- Alcorn, G. D., Yeager, C. C. 1938. A Monograph of the Genus *Cunninghamella* with Additional Descriptions of Several Common Species. *Mycologia*, 30(6): 653–658.
- Álvarez, E., Cano, J., Stchigel, A.M., Sutton, D.A., Fothergill, A.W., Salas, V., Rinaldi, M., Guarro, J. 2011. Two new species of *Mucor* from clinical samples. *Medical Mycology* 49: 62–72.
- Alves, A.L.M. 2016. Diversidade de Mucorales em solos de brejo de altitude do semiárido de Pernambuco. Dissertação (mestrado) – Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos, Universidade Federal de Pernambuco. Recife. p. 86.
- Alves, A.L.S., de Souza, C.A.F., Oliveira, R.J.V., Cordeiro, T.R.L., Santiago, A.L.C.M.A. 2017. *Cunninghamella clavata* from Brazil: a new record for the western hemisphere. *Mycotaxon* 132: 381–389.
- Alves, M.H., Campos-Takaki, G.M., Porto, A.L., Milanez, A.I. 2002. Screening of *Mucor* spp. for the production of amylase, lipase, polygalacturonase and protease. *Brazilian Journal of Microbiology* 33: 325–30.
- Alves, A.L.S.D.M. 2021. Diversidade de Mucorales (Mucoromucotina) em Brejos de Altitude de Pernambuco. Tese de doutorado – Universidade Federal de Pernambuco, Recife. p. 51, 2021.
- Andrade, L.E.A., Dantas, M.S.S. 2020. Áreas protegidas e sociobiodiversidade no Semiárido brasileiro. *Anuário Antropológico* 45(1): 69–96.
- Ariyawansa, H.A., Hyde, K.D., Jayasiri, S.C., Buyck, B., Chethana, K.W.T., *et al.* 2015. Fungal diversity notes 111–252 taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity* 75: 27–274.
- Bassetti, M., Bouza, E. Invasive mould infections in the ICU setting: complexities and solutions. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 72(suppl_1), i39–i47. <https://doi.org/10.1093/jac/dkx032>
- Benny, G.L. 2008. Methods used by Dr. R. K. Benjamin, and other mycologists, to isolate Zygomycetes. *Aliso* 26:37-61.

- Benny G.L., Smith M.E., Kirk P.M., Tretter E.D., White M.M. 2016. Challenges and Future Perspectives in the Systematics of Kickxellomycotina, Mortierellomycotina, Mucoromycotina, and Zoopagomycotina. In: Li, D.W. (ed.) *Biology of Microfungi*. Fungal Biology. Springer, pp. 65–126.
- Benny, G.L., Humber, R.A., Voigt, K. 2014. Zygomycetous fungi: phylum Entomophthoromycota and subphyla Kickxellomycotina, Mortierellomycotina, Mucoromycotina, and Zoopagomycotina. In: McLaughlin, D.J., Spatafora, J.W. (eds). *Systematics and Evolution*. The Mycota, Vol. 7A. New York, Springer-Verlag, pp. 209–250.
- Bezerra, J. D. P., Machado, A. R., Firmino, A. L., Rosado, A. W. C., de Souza, C. A. F., *et al.* 2018. Mycological Diversity Description I. *Acta Botanica Brasilica* 32:4: 1–11. <https://doi.org/10.1590/0102-33062018abb0154>
- Brito, L.T.L., Silva, A.S., Porto E.R. 2007. Disponibilidade de água e a gestão dos recursos hídricos. In: Brito, L.T.L., Moura, M.S.B., Gama, G.G.B. (eds.) *Potencialidades da água de chuva no semi-árido brasileiro*. Embrapa Semi-Árido. Petrolina, Embrapa - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, pp. 15–30.
- Chang, Y., Wang, Y., Mondo, S., Ahrendt, S., Andreopoulos, W., *et al.* 2022. Evolution of zygomycete secretomes and the origins of terrestrial fungal ecologies. *iScience*, 25(8), 104840. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104840>
- Chaudhary, V.B., Cuenca, G., Johnson, N.C. 2017. Tropical-temperate comparison of landscape-scale arbuscular mycorrhizal fungal species distributions. *Diversity and Distributions* 24: 116–128.
- Chu, C., Song, K., Zhang, Y., Yang, M., Fan, B., Huang, H., Chen, G. 2021. Biotransformation of ursolic acid by *Circinella muscae* and their anti-neuroinflammatory activities of metabolites. *Natural Product Research*, 1–6. doi:10.1080/14786419.2021.1925893
- Condit, R., Pitman, N., Leigh-Jr, E., Chave, J., Terborgh, J., Foster, R., Núñez, P., Aguilar, S., Valencia, R., Villa, G., Muller-Landau, H., Losos, E., Hubbell, S. 2002. Beta-Diversity in Tropical Forest Trees. *Science*, 295: 666–669.
- Cordeiro, T.R.L., Nguyen T.T., Lima, D.X., Silva, S.B., Lima, C.F., Leitão, D'arc, J.D.A., Melo, Gurgel, L.M.S., Lee, H.B., Santiago, A.L.C.M.A. 2020. Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest. *Acta Botanica Brasilica* 34(3): 549–558. <https://doi.org/10.1590/0102-33062020abb0040>
- Cordeiro, T.R.L., da Silva, S. B. G., da Cruz, M. O., de Lima, C. L. F., *et al.* 2022. *Absidia pararepens* Jurjević, M. Kolařík & Hubka (Mucorales, Mucoromycota) was isolated for the first time in South America. *Nova Hedwigia*, 375-387. https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2022/0682
- Cordeiro, T.R.L., Walther, G., Lee, H.B., Nguyen, T.T.T., de Souza, C.A.F., *et al.* 2023. A polyphasic approach to the taxonomy of *Backusella* reveals two new species. *Mycological Progress*, 22(16), 1–19. <https://doi.org/10.1007/s11557-023-01864-x>
- Coutinho, E.S., Fernandes, G.W., Berbara, R.L.L., Valério, H.M., Goto, B.T. 2015. Variation of arbuscular mycorrhizal fungal communities along an altitudinal gradient in rupestrian grasslands in Brazil. *Mycorrhiza* 25: 627–638.
- Crous, P.W., Wingfeld, M.J., Burgess, T.I., Carnegie, A.J., Hardy, G.E.S.J., *et al.* 2017. Fungal planet description sheets: 625–715. *Persoonia* 39: 270–467.
- Crous, P.W., Luangsa-ard, J.J., Wingfield, M.J., Carnegie, A.J., Hernández-Restrepo, M., *et al.* 2018. Fungal Planet description sheets: 785–867. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 41: 238–417.
- Crous, P.W., Wingfield, M.J., Chooi, Y.-H., Gilchrist, C.L.M., Lacey, E., *et al.* 2020. Fungal Planet description sheets: 1042–1111. *Persoonia* 44: 301– 459.
- Cutter Jr, V.M. 1946. The genus *Cunninghamella* (Mucorales). *Farlowia* 2: 321–343

- De Lima, C.L.F. 2018. Diversidade de Mucorales em duas áreas de brejo de altitude de Pernambuco. Dissertação de mestrado – Universidade Federal de Pernambuco, PE, Brasil. p. 58.
- De Lima, C.L.F., Lima, D.X., Cunha, G.C.L., Leitão, J.D.A., Freitas, L.D.S., Gurgel, L.S.M., Santiago, A.L.C.M.A. 2020. *Isomucor truffemiae* J.I. de Souza, Pires-Zottarelli & Harakava (Mucorales, Mucoromycota): the second report worldwide and first from soil in northeastern Brazil. *Check List* 16 (5): 1103–1107.
- De Lima, C. L. F., Lundgren, J. D. A. A. L., Nguyen, T. T. T., Cordeiro, T. R. L., Lima, D. X., et al. 2022. Two New Species of *Backusella* (Mucorales, Mucoromycota) from Soil in an Upland Forest in Northeastern Brazil with an Identification Key of *Backusella* from the Americas. *Journal of Fungi*, 8(10): 1038. <https://doi.org/10.3390/jof8101038>
- De Repentigny, L., St-Germain, G., Charest, H., Kokta, V., Vobecky, S. 2008. Fatal zygomycosis caused by *Mucor indicus* in a child with an implantable left ventricular assist device. *The Pediatric Infectious Disease Journal* 27: 355–357.
- De Souza, J.I., Pires-Zottarelli, C.L.A., Santos, J.F., Costa, J.P. 2011. Zygomycetes from “Reserva Biológica de Mogi Guaçu”, São Paulo State, Brazil. *Mycotaxon* 116: 303–312.
- De Souza, J.I., Pires-Zottarelli, C.L.A., Santos, J.F., Costa, J.P., Harakava, R. 2012. *Isomucor* (Mucoromycotina): a new genus from a Cerrado reserve in state of São Paulo, Brazil. *Mycologia* 104: 232–241.
- De Souza, J.I., Marano, A.V., Pires-Zottarelli, C.L.A., Chambergo, F.S., Harakava, R. 2014. A new species of *Backusella* (Mucorales) from a Cerrado reserve in Southeast Brazil. *Mycological Progress* 13: 975–980.
- De Souza, C.A.F., Lima, D.X., Gurgel, L.M.S., Santiago, A.L.C.M.A. 2017. Coprophilous Mucorales (ex Zygomycota) from three areas in the semi-arid of Pernambuco, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology* 48: 79–86.
- De Souza, C.A. 2019. Diversidade de Mucoromyceta em Brejos de Altitude de Pernambuco, Brasil, e Avaliação de espécimes produtores de proteases coagulantes do leite. Tese de doutorado - Universidade Federal de Pernambuco, PE, Brasil. p. 74.
- De Souza, C.A.F., Lima, D.X., Costa, D.P., Lima, C.L.F., Medeiros, E.V., Santiago, A.L.C.M.A. 2020. *Mucor variicolumellatus* L. Wagner & G. Walther (Mucorales, Mucoromycota): a first record for the Neotropics. *Check List* 16(3): 743–747.
- Desirò, A., Rimington, W.R., Jacob, A., Pol, N.V., Smith, M.E., Trappe, J.M., Bidartondo, M.I., Bonito, G. 2017. Multigene phylogeny of Endogonales, an early diverging lineage of fungi associated with plants. *IMA Fungus* 8: 245–257.
- Diogo, I.J.S., Martins, F.R., Costa, I.R. 2019. Relações florísticas entre disjunções florestais no nordeste brasileiro e as Florestas Amazônica e Atlântica. In: Diogo, I.J.S., Martins, F R., Costa, I.R. (eds.) *Aspectos ambientais de florestas serranas úmidas no nordeste do Brasil*. Maringá, Uniedusul, pp. 13–30.
- Dolatabadi, S., Walther, G., van Den Ende, A.H.G.G., de Hoog, G.S. 2013. Diversity and delimitation of *Rhizopus microsporus*. *Fungal Diversity* 64: 145–163.
- Domsch, K.H, Gams, W., Anderson, T.H. 2007. *Compendium of soil fungi*. 2nd edition. London, Academic Press.
- Dong, Y., Sun, Q., Zhang, Y., Wang, X., Liu, P., Xiao, Y., Fang, Z. 2018. Complete genome of *Gongronella* sp. w5 provides insight into its relationship with plant. *Journal of Biotechnology* 286: 1–4.
- Dong, C., Zhang, Z., Chen, W., Han, Y., Huang, J., Liang, Z. 2019. *Gongronella zunyiensis* sp. nov. (Cunninghamellaceae, Mucorales) isolated from rhizosphere soil in China. *Phyotaxa* 425 (5): 290–296.

- Dourou, M., Mizerakis, P., Papanikolaou, S., Aggelis, G. 2017. Storage lipid and polysaccharide metabolism in *Yarrowia lipolytica* and *Umbelopsis isabellina*. *Applied microbiology and biotechnology*, 101(19): 7213-7226.
- Flora do Brasil. 2023. Fungos Mucorales. Domínios fitogeográficos: Cerrado. in: *Flora e Funga do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: < <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/> >. Acesso em: 06 jan. 2023
- Flora do Brasil. 2023. Mucorales. In: *Flora e Funga do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: < <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/> >. Acesso em: 06 jan. 2023
- Francis, J.R., Villanueva, P., Bryant, P., Blyth, C.C. 2017. Mucormycosis in children: review and recommendations for management. *Journal of the Pediatric Infectious Diseases Society* 7(15):159–164.
- Freitas, L.W.S., Oliveira, R.J.V., Cordeiro, T.R.L., Nguyen, T.T.T., Lim, H.J., Lee, H.B., Santiago, A.L.C.M.A. 2020. *Gongronella pedratalhadensis*, a new species of Mucorales (Mucoromycota) isolated from the Brazilian Atlantic Forest, with an identification key for the genus. *Sydowia* 73: 61–68.
- Freitas, L.W.S., Oliveira, M.O., Nguyen, T.T., Lee, H.B., dos Santos, F.R.S., Santiago, A.L.C.M.A. 2022. *Absidia variicolumellata*, sp. nov., a new mucoralean fungus isolated from Atlantic Forest in Bahia state (Brazil). *Sydowia* 75: 75–89.
- Friede, R. 2020. Floresta Amazônica: ainda um inferno verdeou agora um paraíso ameaçado?. In: Ferreira, C.C.M.A.L. (ed.) *Revista do Exército Brasileiro* 156(1): 81–92.
- Gardeli, C., Athenaki, M., Xenopoulos, E., Mallouchos, A.K.A.A., Koutinas, A.A., Aggelis, G., Papanikolaou, S. 2017. Lipid production and characterization by *Mortierella (Umbelopsis) isabellina* cultivated on lignocellulosic sugars. *Journal of applied microbiology*, 123(6): 1461-1477.
- Guimarães, L.H.S., Peixoto-Nogueira, S.C., Michelin, M., Rizzatti, A.C.S., Sandrim, V.C., Zanoelo, F.F., Aquino, A.C.M.M., Junior, A. B., Polizeli, M.L.T.M. 2006. Screening of filamentous fungi for production of enzymes of biotechnological interest. *Brazilian Journal of Microbiology* 37(4): 474–480.
- Goto, B.T., Maia, L.C. 2006. Contribution to the study of Endogonales in Brazil: The first record of *Peridiospora tatachia*. *Mycotaxon* 96: 327–332.
- Guo, J., Wang, H., Liu, D., Zhang, J.N., Zhao, Y., Liu, T., Xin, Z. 2015. Isolation of *Cunninghamella bigelovii* sp. nov. CGMCC 8094 as a new endophytic oleaginous fungus from *Salicornia bigelovii*. *Mycological Progress* 14: 1–8.
- Hesseltine, C.W., Ellis, J.J. 1961. Notes on Mucorales, especially *Absidia*. *Mycologia* 53: 406–426.
- Hesseltine, C.W., Ellis, J.J. 1964. An interesting species of *Mucor*, *M. ramosissimus*. *Sabouraudia* 3: 151–154.
- Higuchi, M.I.G., Higuchi, N. 2012. *A floresta amazônica e suas múltiplas dimensões: uma proposta de educação ambiental*. 2ª ed. revisada e ampliada. Manaus, Edição dos autores.
- Hawksworth DL, Lücking R. 2017. Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. *Microbiology Spectrum* 5(4): FUNK-0052-2016.
- Hesseltine, C.W., Fennell, D.I. 1955. The genus *Circinella*. *Mycologia*. 47:193–212. <https://doi.org/10.2307/3755410>
- Hill, M. O. 1973. Diversity and evenness: A unifying notation and its consequences. *Ecology* 54 (2): 427–32. <https://doi.org/10.2307/1934352>.
- Hoffmann, K., Discher, S., Voigt, K. 2007. Revision of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes) based on physiological, phylogenetic, and morphological characters thermotolerant *Absidia* spp. form a coherent group, Mycocladiaceae fam. nov. *Mycological Research* 111: 1169–83.

- Hoffmann, K., Voigt, K. 2009. *Absidia parricida* plays a dominant role in biotrophic fusion parasitism among mucoralean fungi (Zygomycetes): *Lentamyces*, a new genus for *A. parricida* and *A. zychae*. *Plant Biology* 4:537–554.
- Hoffmann, K., Walther, G., Voigt, K. 2009. *Mycocladius* vs *Lichtheimia*: a correction (Lichtheimiaceae fam. nov., Mucorales, Mucoromycotina). *Mycological Research* 113:277–278.
- Hoffmann, K. 2010. Identification of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes): a comprehensive taxonomic revision. In: Gherbawy, Y., Voigt, K. (eds.) *Molecular identification of fungi*. Berlin, Springer, pp. 439–460.
- Hoffmann, K., Voigt, K., Kirk, P. 2011. Mortierellomycotina subphyl. nov., based on multi-gene genealogies. *Mycotaxon* 115: 353–363.
- Hoffmann, K., Pawłowska, J., Walther, G., Wrzosek, M., Hoog, G.D., Benny, G.L., Kirk, P.M., Voigt, K. 2013. The family structure of the Mucorales: a synoptic revision based on comprehensive multigene-genealogies. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 30: 57–76.
- Hong, S., Kim, D., Lee, M., Baek, S., Kwon, S., Houbraken, J., Samson, R. 2012. Zygomycota associated with traditional meju, a fermented soybean starting material for soy sauce and soybean paste. *Journal of Microbiology* 50: 386–393.
- Hyde, K., Hongsanan, S., Jeewon, R., Bhat, D.J., McKenzie, E., *et al.* 2016. Fungal diversity notes 367–490: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity*: 80: 1–270.
- Hurdeal, V.G., Jones, E.B.G., Santiago, A.L.C.M.A., Hyde, K.D., Gentekaki, E. 2022. Expanding the diversity of mucoralean fungi from northern Thailand: novel *Backusella* species from soil. *Phytotaxa*, 559(3), 275–284.
- IBGE [Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística]. 2004. *Mapa de biomas do Brasil: primeira aproximação*. Disponível em: <http://geoftp.ibge.gov.br/informacoes_ambientais/estudos_ambientais/biomas/mapas/biomas_5_000_000.pdf>. Acesso em: 16 novembro 2020.
- IBGE [Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística]. 2012. *Manual técnico da vegetação brasileira*. Disponível em: <<https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/monografias/GEBIS%20-%20RJ/ManuaisdeGeociencias/Manual%20Tecnico%20da%20Vegetacao%20Brasileira%20n.1.pdf>>. Acesso em: 16 novembro 2020.
- Ibrahim, A., Spellberg, B., Walsh, T., Kontoyiannis, D. 2012. Pathogenesis of mucormycosis. *Clinical infectious diseases* 54: S16–22.
- Joly, C.A., Metzger, J.P., Tabarelli, M. 2014. Experiences from the Brazilian Atlantic Forest: ecological findings and conservation initiatives. *New Phytologist* 204: 459–473.
- Kumar, M., Jantusch, B., Torres, C., Campos, J., Zelazny, A. 2018. Central line-associated *Mucor velutinosus* bloodstream infection in an immunocompetent pediatric patient. *Journal of the Pediatric Infectious Diseases Society* 7: e55–e57.
- Li, J., Carlson, B.E., Laci, A.A. 2014: Application of spectral analysis techniques in the inter-comparison of aerosol data, Part 4: Synthesized analysis of multisensor satellite and ground-based AOD measurements using combined maximum covariance analysis. *Atmospheric Measurement Techniques* 7: 2531–2549.
- Li, G.J., Hyde, K., Zhao, R., Hongsanan, S., Abdel-Aziz, F.A., *et al.* 2016. Fungal diversity notes 253–366: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity* 78: 1–237.
- Lima, D.X. 2014. Diversidade de Mucorales do solo e de excrementos de herbívoros do Parque Nacional do Catimbau - PE, Brasil. Dissertação (mestrado) – Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos, Universidade Federal de Pernambuco. Recife. p. 61.

- Lima, D.X., Santiago, A.L.C.M.A., Souza-Motta, C.M. 2016. Diversity of Mucorales in natural and degraded semi-arid soils. *Brazilian Journal of Botany* 39: 1127–1133. <https://doi.org/10.1007/s40415-015-0156-8>
- Lima, D. X., Souza-Motta, C. M., Wagner, L., Voigt, K., De Souza, C. A., et al. 2017. *Circinella simplex*—a misapplied name of *Mucor circinatus* sp. nov. *Phytotaxa*, 329(3), 269-276. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.329.3.8>
- Lima, V.X., Nogueira-Melo, G.S., Baltazar, J.M., Medeiros, P.S., Soares, A.M., Lira, C.R.S., Gibertoni, T.B. 2018. Fungal perspective on neotropical biogeography: poroid fungi (Agaricomycetes: Hymenochaetales and Polyporales) and the Brazilian moist forests. *Fungal Ecology* 36: 1–7.
- Lima, D.X., Cordeiro, T.R.L., de Souza, C.A.F., Santiago, A.L.C.M.A., Souza-Motta, C.M. 2018. Diversity of basal fungal order Mucorales (Mucoromycota) in a remaining area of the Brazilian Atlantic rainforest. *Nova Hedwigia* 107:459–471.
- Liu, X., Huang, H., Zheng, R. 2001. Relationships within *Cunninghamella* based on sequence analysis of ITS rDNA. *Mycotaxon* 80: 77–95.
- Liu, Y., Hodson, M.C., Hall, B. 2006. Loss of the flagellum happened only once in the fungal lineage: phylogenetic structure of Kingdom Fungi inferred from RNA polymerase II subunit genes. *BMC Evolutionary Biology* 6(74): 1–13.
- Liu, X.Y., Huang, H., Zheng, R.Y. 2008. Delimitation of *Rhizopus* varieties based on IGS rDNA sequences. *Sydowia* 60:93–112.
- Liu, J. J., Jin, L., Shan, Y. X., Burgess, K. S., Ge, X. J. 2022. Elevation explains variation in soil microbial diversity and community composition under experimental warming and fertilization treatments in mountain meadows. *Applied Soil Ecology*, 171, 104311.
- Lundgren, J.D.A.L. 2021. Influência do Gradiente Altitudinal na Diversidade de Mucoromycota em Brejos de Altitude de Pernambuco. Dissertação de mestrado - Universidade Federal de Pernambuco, PE, Brasil. p. 91.
- Maçaneiro, J.P., Oliveira, L.Z., Seubert, R.C., Eisenlohr, P.V., Schorn, L.A. 2016. More than environmental control at local scales: do spatial processes play an important role in floristic variation in subtropical forest?. *Acta Botanica Brasilica* 30(2): 183–192.
- Magnusson, W.E., Ishikawa, N.K., Lima, A.P., Dias, D.V., et al. 2016. A linha de véu: a biodiversidade brasileira desconhecida. *Parcerias Estratégicas* 21(42): 45–60.
- Mahoney, D., Gams, W., Meyer, W., Starink-Willemse, M. 2004. *Umbelopsis dimorpha* sp. nov., a link between *U. vinacea* and *U. versiformis*. *Mycological Research* 108(1):107–111
- Marengo, J.A., Alves, L.M., Beserra, E., Lacerda, F. 2011. Variabilidade e mudanças climáticas no semiárido brasileiro, In: Medeiros, S.S., Gheyi, H.R., Galvão, C.O., Paz, V.P.S. (Orgs.). *Recursos Hídricos e Regiões Áridas e Semiáridas*. INSA, Campina Grande, pp. 383–416.
- Marques, A.L., Silva, J.B., Silva, D.G. 2014. Refúgios úmidos do semiárido: um estudo sobre o brejo de altitude de Areia-PB. *Geotemas* 4(2):17–31.
- Martins, M.R., Santos, C., Soares, C., Santos, C., Lima, N. 2020. *Gongronella eborensis* sp. nov., from vineyard soil of Alentejo (Portugal). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 70: 3475–3482.
- Mauro, M., Cascio, G.L., Balter, R., Zaccaron, A., et al. 2020. The diagnostic pitfalls of mucormycosis. *Mediterranean Journal of Hematology and Infectious Diseases* 12(1): e2020079.
- Meyer, W., Gams, W. 2003. Delimitation of *Umbelopsis* (Mucorales, Umbelopsidaceae fam. nov.) based on ITS sequence and RFLP data. *Mycological Research* 107(3): 339–350
- Mil'ko, A.A. and L.A. Beljakova. 1967. The genus *Cunninghamella* Matruchot and taxonomy of the Cunninghamellaceae. *Mikrobiologiya* 36: 684–690.
- Morin-Sardin, S., Nodet, P., Coton, E., Jany, J. 2017. *Mucor*: A Janus-faced fungal genus with human health impact and industrial applications. *Fungal Biology Reviews* 31: 12–32.

- Moura, M.S.B., Galvinctio, J.D., Brito, L.T.L., Souza, L.S.B., Sá, I.I.S., Silva, T.G.F. 2007. Clima e água de chuva no semiárido. In: Brito, L.T.L.; Moura, M.S.B.; Gama, G.G.B. (eds.) *Potencialidades da água de chuva no semi-árido brasileiro*. Petrolina, PE: Embrapa Semi-Árido, pp. 37–58.
- Naumov, N.A. 1939. Clés des Mucorinées (Mucorales). *Encyclopédie Mycologique* 9: 1–137.
- Oliveira *et al.* 2013. Diversity of filamentous fungi isolated from the soil in the semiarid area, Pernambuco, Brazil. *Journal of Arid Environments* 95: 49–54.
- Pan, J., Tsui, C., Li, M., Xiao, K., de Hoog, S., *et al.* 2020. First Case of Rhinocerebral Mucormycosis Caused by *Lichtheimia ornata*, with a Review of *Lichtheimia* Infections. *Mycopathologia* 185: 555–567.
- Parks, D.H., Tyson, G.W., Hugenholtz, P., Beiko, R.G. 2014. STAMP: statistical analysis of taxonomic and functional profiles. *Bioinformatics* 30(21): 3123–3124. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu494>
- Pawłowska, J., Walther, G., Wilk M., de Hoog, S., Wrzosek, M. 2013. The use of compensatory base change analysis of ITS2 as a tool in the phylogeny of Mucorales, illustrated by the *Mucor circinelloides* complex. *Organisms Diversity & Evolution* 13:497–502.
- Pequeno, P.D.L., Leônidas, F.D.C., Mendes, A.M., Vieira, A.H., Martins, E.P., de Vasconcelos, L.P. 2002. *Água disponível do solo: algumas características físicas do solo importantes para quantificação*. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa. Porto Velho, Rondônia. 18p.
- Pereira-Filho, G.A., Vieira, W.L., Montingelli, G.G., Rodrigues, J.B., Alves, R.R.N., França, F.G.R. 2017. Diversidade. In: Pereira-Filho, G.A., Vieira, W.L.S., Alves, R.R.N., França, F.G.R. (eds.) *Serpentes da Paraíba: diversidade e conservação*. João Pessoa, Autores, pp. 55–269.
- Pereira-Filho, G., Freitas, M.A., Vieira, W.L., Moura, G.J., França, F. 2020. State of knowledge and conservation of the snake fauna of the “Brejos de Altitude” in the Pernambuco Endemism Center, Northeastern Brazil. *Ethnobiology and Conservation* 9:12.
- Peroni, N., Hernandez, M.I.M. 2011. *Ecologia de populações e comunidades*. Florianópolis, CCB/EAD/UFSC.
- Peyronel, B., Vesco, G.D. 1955. Ricerche sulla microflora di un terreno agrario presso Torino. *Allionia* 2: 357–417.
- Prezotti, L.C., Guarçoni, A. M. 2013. *Guia de interpretações de análise de solo e foliar*. Vitória, ES: Incaper.
- RStudio Team. 2021. RStudio: Integrated Development Environment for R. RStudio, PBC, Boston, MA. Disponível em: < <http://www.rstudio.com/>. >. Acesso em: 06 jan. 2023.
- R Core Team. 2021. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: < <https://www.R-project.org/>. >. Acesso em: 06 jan. 2023.
- Richardson, M. 2009. The ecology of the Zygomycetes and its impact on environmental exposure. *Clin Microbiol Infect* 15:2–9
- Richardson, M.D., Rautemaa-Richardson R. 2020. Biotic environments supporting the persistence of clinically relevant Mucormycetes. *Journal of Fungi* 6: 2-14.
- Ricklefs, R.E. 2010. *A Economia da Natureza*. 6ª ed., Rio de Janeiro, Guanabara Koogan.
- Rimington, W.R., Pressel, S., Duckett, J.G. *et al.* 2019. Evolution and networks in ancient and widespread symbioses between Mucoromycotina and liverworts. *Mycorrhiza* 29, 551–565. <https://doi.org/10.1007/s00572-019-00918-x>
- Rodal, M.J.N., Barbosa, M.R.V., Thomas, W.W. 2008. Do the seasonal forests in northeastern Brazil represent a single floristic unit?. *Brazilian Journal Biology* 68: 467–475.
- Rodal, M.J.N., Sales, M.F. 2008. Panorama of the montane forests. *Memoirs of the New York Botanical Garden* 100: 535–553.

- Ronquim., C.C. 2010. *Conceitos de fertilidade do solo e manejo adequado para as regiões tropicais*. Campinas: Embrapa Monitoramento por Satélite.
- Rousk, J., Bååth, E., Brookes, P.C., *et al.* 2010. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil. *The Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology* 4: 1340–1351.
- Samson, R.A. 1969. Revision of the genus *Cunninghamella* (Fungi, Mucorales). *Proceedings, Koninklijke Nederlandse Akademie van Wetenschappen* 72: 322–335.
- Santiago, A., Cavalcanti, M. 2007. *Gilbertella persicaria* (Mucorales): a new record from Brazil. *Mycotaxon* 102: 333–337.
- Santiago, A.L.C.M.A., Cavalcanti, M.A., Trufem, S.F.B. 2008. *Mucor guilliermondii* (Mucorales): a rare species found in herbivore dung from Neotropics. *Mycotaxon* 106: 103–108.
- Santiago, A.L.C.M.A., Maia, L.C. 2010. Two new records of Mucorales from the Brazilian semi-arid region. *Mycotaxon* 114: 171–177.
- Santiago, A.L.C.M.A., Santos, P.J.P., Maia, L.C. 2013a. Mucorales from the semiarid of Pernambuco, Brazil. *Brazilian Journal Microbiology* 44(1): 299–305.
- Santiago, A.L.C.M.A., Rodrigues, A., Canedo E.M., Filho, E.R. 2013b. Taxonomic studies on *Mucor inaequisporus*, isolated for the first time in South America. *Mycotaxon* 124: 219–229.
- Santiago, A.L.C.M.A., Hoffmann, K., Lima, D. D.X., Oliveira, R.J., Vieira, H., *et al.* 2014. A new species of *Lichtheimia* (Mucoromycotina, Mucorales) isolated from Brazilian soil. *Mycological Progress* 13: 343–352.
- Santos, A.M.M., Cavalcanti, D.R., Silva, J.M.C., Tabarelli, M. 2007. Biogeographical relationships among tropical forests in north-eastern Brazil. *Journal of Biogeography* 34: 437–446.
- Santos, A.P.S., Perez-Marin, A.M., Forero, L.F.U., Moreira, J.M., Medeiros, A.M.L., *et al.* 2013. *O Semiárido brasileiro: Riqueza, diversidades e saberes*. Coleção Reconhecendo o Semiárido. Campina Grande, Antena.
- Santos, L.S., Silva H.P.B., Pereira E.C.G. 2014. Cerrado em área disjunta em brejo de altitude no Agreste pernambucano, Brasil. *Boletim Goiano de Geografia* (online). Revista UFG. Goiânia. 34(2): 337–353.
- Santos, F.R., Garcia, N.F.L., da Paz, M.F., Fonseca, G.G., Leite, R.S.R. 2016. Production and characterization of β -glucosidase from *Gongronella butleri* by solid-state fermentation. *African Journal of Biotechnology* 15: 633–641.
- Santos, W.B., Marangon, L.C., Freire, F.J., Braz, R.L., Torres, J.E.L., Santos, J.N.B. 2020. Vegetação lenhosa de regiões semiáridas em diferentes altitudes. *Ciência Florestal* 30(1): 161–175.
- Schipper, M.A.A. 1973. A Study on Variability in *Mucor hiemalis* and Related Species. *Studies in Mycology* 4: 1–39.
- Schipper, M.A.A. 1984. The *Rhizopus stolonifer*-group and *Rhizopus oryzae*. *Studies in Mycology* 25:1–19.
- Schoenlein-Crusius, I. H., Milanez, A. I., Trufem, S. F., Pires-Zottarelli, C. L., Grandi, R. A. P., Santos, M. L., Giustra, K. C. 2006. Microscopic fungi in the Atlantic Rainforest in Cubatão, São Paulo, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology* 37: 267–275.
- Schwartz, V., Hoffmann, K., Nyilasi, I., Papp, T., Vágvolgyi, C., *et al.* 2012. *Lichtheimia* Species Exhibit Differences in Virulence Potential. *PLoS ONE* 7(7): e40908.
- Schwartz, V.U., Jacobsen, I.D. 2014. Mucormycoses caused by *Lichtheimia* species. *Mycoses* 57: 73–78.
- Silva, P.C.G., Moura, M.S.B., Kiill, L.H.P., Brito, L.T.L., Pereira, L.A., *et al.* 2010. Caracterização do Semiárido brasileiro: fatores naturais e humanos. In: Sá, I.B., Silva,

- P.C.G. (eds.) *Semiárido brasileiro: pesquisa, desenvolvimento e inovação*. Petrolina: Embrapa Semiárido, pp. 18–48.
- Skiada, A., Pagano, L., Groll, A., Zimmerli, S., Dupont, B., *et al.* 2011. Zygomycosis in Europe: analysis of 230 cases accrued by the registry of the European Confederation of Medical Mycology (ECMM) Working Group on Zygomycosis between 2005 and 2007. *Clinical Microbiology and Infection* 17(12):1859–1867.
- Slaný, O., Klempová, T., Marcinčák, S. *et al.* 2020. Production of high-value bioproducts enriched with γ -linolenic acid and β -carotene by filamentous fungi *Umbelopsis isabellina* using solid-state fermentations. *Annals of Microbiology* 70: 1–11.
- Spithoven, E.M., Bruns, A.H.W., Petri, B.J., Haas, P.J., Nguyen, T.Q., *et al.* 2020. Renal transplant patient survives a donor-derived abdominal invasive mucormycosis (*Lichtheimia ramosa*). *Medical Mycology Case Reports* 30: 39–42.
- Sobral, L. F., Barreto, M. D. V., Da Silva, A. J., Dos Anjos, J. L. 2015. *Guia prático para interpretação de resultados de análises de solos*. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros.
- Sugiyama, M., Tokumasu, S., Gams, W. 2003. *Umbelopsis gibberispora* sp. nov. from Japanese leaf litter and a clarification of *Micromucor ramannianus* var. *angulisporus*. *Mycoscience* 44: 217–226.
- Sultana, R., Ara, I., Chanda, I.J., Alam, N. 2020. First report of *Lichtheimia hyalospora* from fresh water dried shrimp in Bangladesh. *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies* 8(3): 474–477.
- Suratman, M.N., Hamid, N.H.A., Sabri, M.D.M., Kusin, M., Yamani, S.A.K. 2015. Changes in tree species distribution along altitudinal gradients of montane forests on Malaysia. In: Öztürk, M., Hakeem, K., Faridah-Hanum, I., Efe, R. (eds) *Climate Change impact On High-Altitude Ecosystem*. Switzerland, Springer, Cham, pp. 491–522.
- Tanabe, Y., O'Donnell, K., Saikawa, M., Sugiyama, J. 2000. Molecular phylogeny of parasitic Zygomycota (Dimargaritales, Zoopagales) based on nuclear small subunit ribosomal DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 16(2): 253–262.
- Tibpromma, S., Hyde, K.D., Jeewon, R., Maharachchikumbura, S.S.N., Liu, J.K., *et al.* 2017. Fungal diversity notes 491–602: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity* 83: 1–261.
- Tretter, E.D., Johnson, E.M., Wang, Y., Kandel, P., White, M.M. 2013. Examining new phylogenetic markers to uncover the evolutionary history of early-diverging fungi: comparing MCM7, TSR1 and rRNA genes for single- and multigene analyses of the Kickxellomycotina. *Persoonia* 30(1): 106–125.
- Tretter, E.D., Johnson, E.M., Benny, G., Lichtwardt, R.W., Wang, Y., *et al.* 2014. An eight-gene molecular phylogeny of the Kickxellomycotina, including the first phylogenetic placement of Asellariales. *Mycologia* 106(5): 912–935.
- Trufem, S.F.B. 1981a. Mucorales do Estado de São Paulo 1: gênero *Mucor* Micheli. *Rickia* 9: 81–91.
- Trufem, S.F.B. 1981b. Mucorales do Estado de São Paulo 3. Gêneros *Circinella* van Tieghem & Le Monnier e *Cunninghamella* Matruchot. *Rickia* 9: 113–120.
- Trufem, S.F.B. 1981c. Mucorales do Estado de São Paulo 2: gêneros *Absidia* van Tieghem, *Gongronella* Ribaldi e *Rhizopus* Ehrenberg. *Rickia* 9: 99–106.
- Urquhart, A.S., Douch, J.K., Heafield, T.A., Buddie, A., Idnurm, A. 2020. Diversity of *Backusella* (Mucoromycotina) in south-eastern Australia revealed through polyphasic taxonomy. *Persoonia* 46: 1–25.
- Van Tieghem, P. (1873). Recherches sur les Mucorinées. *Ann. Sci. Nat.*, 17, 261–399.
- Van Tieghem, P. 1878. Troisième mémoire sur les Mucorinées. *Annales des Sciences Naturelles Botanique* 4: 312–399.

- Veríssimo, A., Pereira, D. 2014. Produção na Amazônia Florestal: características, desafios e oportunidades. *Parcerias. Estratégicas* 19(38): 13–44.
- Viana, J.L., Barbosa, M.R.V. 2013. Estrutura e composição do estrato herbáceo em um remanescente de floresta semidecidual submontana no Nordeste do Brasil. *Sitientibus Série Ciências Biológicas* 13: 1–13.
- Vieira, L.C., Silva, D.K., Silva, I.R., Gonçalves, C.M., Assis, D.M.A., Oehl, F., da Silva G. 2019a. Ecological aspects of arbuscular mycorrhizal fungal communities in different habitat types of a Brazilian mountainous area. *Ecological Research* 34: 182–192.
- Vieira, L.C., Silva, D.K., Melo, M.A.C., Escobar, I.E., Oehl, F., Silva, G.A. 2019b. Edaphic Factors Influence the Distribution of Arbuscular Mycorrhizal Fungi Along an Altitudinal Gradient of a Tropical Mountain. *Microbial Ecology* 78: 904–913.
- Voigt, K., Kirk, P. M. 2014. FUNGI | Classification of Zygomycetes: Reappraisal as Coherent Class Based on a Comparison between Traditional versus Molecular Systematics. In: Batt, C.A., Tortorello, M.L. (eds) *Encyclopedia of Food Microbiology* 2nd. London, Academic Press, pp. 54–67.
- Voigt, K., Wolf, T., Ochsenreiter, K., Nagy, G., Kaerger, K., Shelest, E., Papp, T. 2016. 15 Genetic and Metabolic Aspects of Primary and Secondary Metabolism of the Zygomycetes. In: Hoffmeister D. (ed.) *Biochemistry and Molecular Biology. The Mycota (A Comprehensive Treatise on Fungi as Experimental Systems for Basic and Applied Research)*, vol III. Switzerland, Springer, Cham, pp. 361–385.
- Wagner, L., de Hoog, S., Alastruey-Izquierdo, A., Voigt, K., Kurzai, O., Walther, G. 2019. A revised species concept for opportunistic *Mucor* species reveals species specific antifungal susceptibility profiles. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 63: 1–8.
- Wagner, L., Stielow, J.B., de Hoog, S., Bensch, K., Schwartze, V., Voigt, K., Alastruey-Izquierdo, A., Kurzai, O., Walther, G. 2020. A new species concept for the clinically relevant *Mucor circinelloides* complex. *Persoonia Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 44: 67–97.
- Wahl, A.L., Spiegelberger, T. 2016. Arbuscular mycorrhizal fungi in changing mountain grassland ecosystems: a challenge for research. *Botany* 94(6): 1–75.
- Wanasinghe, D.N., Phukhamsakda, C., Hyde, K.D., Jeewon, R., Lee, H.B., et al. 2018. Fungal diversity notes 709–839: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa with an emphasis on fungi on Rosaceae. *Fungal Diversity* 89:1–236.
- Walsh, E., Luo, J., Khiste, S., Scalera, A., Sajjad, S., Zhang, N. 2020. Pygmaeomycetaceae, a new root-associated family in Mucoromycotina from the pygmy pine plains. *Mycologia*, 1–12.
- Walther, G., Pawlowska, J., Alastruey-Izquierdo, A., Wrzosek, M., Rodriguez-Tudela, J.L., et al. 2013. DNA barcoding in Mucorales: an inventory of biodiversity. *Persoonia Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 30: 11–47.
- Walther, G., Wagner, L., Kurzai, O. 2019. Updates on the Taxonomy of Mucorales with an Emphasis on Clinically Important Taxa. *Journal of Fungi* 5(106): 1–23.
- Wang, J., Zhou, W., Yuan, H., Wang, Y. 2008. Characterization of a novel fungal chitosanase Csn2 from *Gongronella* sp. JG. *Carbohydrate Research* 343: 2583–2588.
- Wang, Y., Liu, X., Zheng, R. 2014. *Umbelopsis changbaiensis* sp. nov. from China and the typification of *Mortierella vinacea*. *Mycological Progress* 13: 657–669.
- Wang, Y.J., Zhao, T., Wu, W.Y., Wang, M., Liu, X.Y. 2022. *Cunninghamella verrucosa* sp. nov. (Mucorales, Mucoromycota) from Guangdong Province in China. *Phytotaxa* 560(3): 274–284. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.560.3.2>
- Wang, Y.N., Liu, X.Y., Zheng, R.Y. 2022. The *Umbelopsis ramanniana* Sensus Lato Consists of Five Cryptic Species. *J. Fungi*, 8, 895. <https://doi.org/10.3390/jof8090895>

- Wei, F., Hong, Y., Liu, J., Yuan, J., Fang, W., *et al.* 2010. *Gongronella* sp. induces overproduction of laccase in *Panus rudis*. *Journal of Basic Microbiology* 50: 98–103.
- Widden P. 1987. Fungal Communities in Soils Along an Elevation Gradient in Northern England. *Mycologia* 79(2): 298–309.
- Yip, H.Y. 1986. Two new species of *Umbelopsis* from soil in Australia. *Transactions of the British Mycological Society* 86: 243–248.
- Yu, J., Walther, G., van Diepeningen, A.D., Ende, A.H., Li, R., *et al.* 2015. DNA barcoding of clinically relevant *Cunninghamella* species. *Medical Mycology* 53(2): 99–106.
- Zhang, Z.Y., Han, Y.F., Chen, W.H., Liang, Z.Q. 2019. *Gongronella sichuanensis* (Cunninghamellaceae, Mucorales), a new species isolated from soil in China. *Phytotaxa* 416: 167–174.
- Zhang, N., Zhao, X. 2010. Study of *Mucor* spp. in semi-hard cheese ripening. *Journal of Food Science and Technology*: 47: 613–619.
- Zhao, H., Nie, Y., Zong, T. K., Wang, Y. J., Wang, M., *et al.* 2022. Species Diversity and Ecological Habitat of *Absidia* (Cunninghamellaceae, Mucorales) with Emphasis on Five New Species from Forest and Grassland Soil in China. *Journal of Fungi*, 8(5), 471. <https://doi.org/10.3390/jof8050471>
- Zheng, R.Y., Chen, G.Q. 2001. A monograph of *Cunninghamella*. *Mycotaxon* 80:1–75.
- Zheng, R.Y., Chen, G.Q., Huang, H., Liu, X.Y. 2007. A monograph of *Rhizopus*. *Sydowia* 59(2): 273–372.
- Zheng, R.Y., Liu, X.Y., Wang, Y.N. 2017. *Circinella* (Mucorales, Mucoromycotina) from China. *Mycotaxon*. 132:43–62. <http://dx.doi.org/10.5248/132.43>.
- Zhou, W., Yuan, H., Wang, J., Yao, J. 2008. Production, purification, and characterization of chitosanase produced by *Gongronella* sp. JG. *Letters in Applied Microbiology* 46: 49–54.
- Zycha, H. 1935. *Pilze II. Mucorineae*. Kryptogamenflora der Mark Brandenburg, Band Via. Leipzig. Gebrueder Borntraeger.

APÊNDICE A: Crous, P.W., Carnegie, A.J., Wingfield, M.J., Sharma, R., Mughini, G., Noordeloos, M.E., *et al.* 2019. Fungal Planet description sheets: 868–950. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 42(1): 291–473.

Persoonia 42, 2019: 291–473
www.ingentaconnect.com/content/nhn/pimj

RESEARCH ARTICLE

ISSN (Online) 1878-9080
https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.42.11



Fungal Planet description sheets: 868–950

P.W. Crous^{1,2}, A.J. Carnegie³, M.J. Wingfield², R. Sharma⁴, G. Mughini⁵, M.E. Noordeloos⁶, A. Santini⁷, Y.S. Shouche⁴, J.D.P. Bezerra⁸, B. Dima⁹, V. Guarnaccia¹⁰, I. Imrefi⁹, Ž. Jurjević¹¹, D.G. Knapp⁹, G.M. Kovács⁹, D. Magistà¹², G. Perrone¹², T. Răma¹³, Y.A. Rebriv¹⁴, R.G. Shivas¹⁵, S.M. Singh^{16,17}, C.M. Souza-Motta⁸, R. Thangavel¹⁸, N.N. Adhasure¹⁹, A.V. Alexandrova^{20,21}, A.C. Alfenas²², R.F. Alfenas²³, P. Alvarado²⁴, A.L. Alves⁸, D.A. Andrade²⁵, J.P. Andrade²⁶, R.N. Barbosa⁸, A. Barili²⁷, C.W. Barnes²⁷, I.G. Baseia²⁸, J.-M. Bellanger²⁹, C. Berlanas³⁰, A.E. Bessette³¹, A.R. Bessette³¹, A.Yu. Biketova³², F.S. Bomfim⁸, T.E. Brandrud³³, K. Bransgrove³⁴, A.C.Q. Brito⁸, J.F. Cano-Lira³⁵, T. Cantillo³⁶, A.D. Cavalcanti⁸, R. Cheewangkoon³⁷, R.S. Chikowski⁸, C. Conforto³⁸, T.R.L. Cordeiro⁸, J.D. Craine³⁹, R. Cruz⁸, U. Damm⁴⁰, R.J.V. de Oliveira⁴², J.T. de Souza⁴³, H.G. de Souza⁴⁴, J.D.W. Dearnaley¹⁵, R.A. Dimitrov⁴⁵, F. Dovana⁴⁶, A. Erhard¹¹, F. Esteve-Raventós⁴⁷, C.R. Félix²⁵, G. Ferisin⁴⁸, R.A. Fernandes⁴⁹, R.J. Ferreira⁸, L.O. Ferro⁸, C.N. Figueiredo⁴⁴, J.L. Frank⁵⁰, K.T.L.S. Freire⁸, D. García³⁵, J. Gené³⁵, A. Gęsiorska⁵¹, T.B. Gibertoni⁸, R.A.G. Gondra⁵², D.E. Gouliamova⁵³, D. Gramaje³⁰, F. Guard⁵⁴, L.F.P. Gusmão^{58,59}, S. Haitook³⁷, Y. Hirooka⁵⁵, J. Houbraken¹, V. Hubka^{56,57}, A. Inamdar¹⁹, T. Iturriaga^{58,59}, I. Iturrieta-González³⁵, M. Jadan⁶⁰, N. Jiang⁶¹, A. Justo⁶², A.V. Kachalkin^{63,64}, V.I. Kapitonov⁶⁵, M. Karadelev⁶⁶, J. Karakehian⁶⁷, T. Kasuya⁶⁸, I. Kautmanová⁶⁹, J. Kruse¹, I. Kušan⁶⁰, T.A. Kuznetsova⁷⁰, M.F. Landell²⁵, K.-H. Larsson⁷¹, H.B. Lee⁷², D.X. Lima⁸, C.R.S. Lira⁸, A.R. Machado⁸, H. Madrid⁷³, O.M.C. Magalhães⁸, H. Majerova⁷⁴, E.F. Malysheva⁷⁵, R.R. Mapperson¹⁵, P.A.S. Marbach⁴⁴, M.P. Martín⁷⁶, A. Martín-Sanz⁷⁷, N. Matočec⁶⁰, A.R. McTaggart⁷⁸, J.F. Mello⁸, R.F.R. Melo⁸, A. Mešić⁶⁰, S.J. Michereff⁷⁹, A.N. Miller⁵⁸, A. Minoshima⁵⁵, L. Molinero-Ruiz⁸⁰, O.V. Morozova⁷⁵, D. Mosoh⁴, M. Nabe⁸¹, R. Naik¹⁶, K. Nara⁸², S.S. Nascimento⁸, R.P. Neves⁸, I. Olariaga⁸³, R.L. Oliveira⁴¹, T.G.L. Oliveira⁸, T. Ono⁸⁴, M.E. Ordoñez²⁷, A. de M. Ottoni⁸, L.M. Paiva⁸, F. Pancorbo⁸⁵, B. Pant⁹⁰, J. Pawłowska⁵¹, S.W. Peterson⁸⁶, D.B. Raudabaugh⁵⁸, E. Rodríguez-Andrade³⁵, E. Rubio⁸⁷, K. Rusevska⁶⁶, A.L.C.M.A. Santiago⁸, A.C.S. Santos⁸, C. Santos⁸⁸, N.A. Sazanova⁸⁹, S. Shah⁹⁰, J. Sharma⁹¹, B.D.B. Silva⁹², J.L. Siquier⁹³, M.S. Sonawane⁴, A.M. Stchigel³⁵, T. Svetasheva⁹⁴, N. Tamakeaw³⁷, M.T. Telleria⁷⁶, P.V. Tiago⁸, C.M. Tian⁶¹, Z. Tkáčec⁶⁰, M.A. Tomashevskaya⁶⁴, H.H. Truong⁵⁵, M.V. Vecherskii⁷⁰, C.M. Visagie^{2,95}, A. Vizzini⁴⁶, N. Yilmaz², I.V. Zmitrovich⁷⁵, E.A. Zvyagina⁹⁶, T. Boekhout^{1,97}, T. Kehlet⁹⁸, T. Læssøe⁹⁸, J.Z. Groenewald¹

Key words

ITS nrDNA barcodes
LSU
new taxa
systematics

Abstract Novel species of fungi described in this study include those from various countries as follows: **Australia**, *Chaetomella pseudocircinosa* and *Coniella pseudodiospyri* on *Eucalyptus microcorys* leaves, *Cladophialophora eucalypti*, *Teratosphaeria dunnii* and *Vermiculariopsis dunnii* on *Eucalyptus dunnii* leaves, *Cylindrium grande* and *Hypsotheca eucalyptorum* on *Eucalyptus grandis* leaves, *Elsinoe saligna* on *Eucalyptus saligna* leaves, *Marasmius lebeliae* on litter of regenerating subtropical rainforest, *Phialoseptomonium eucalypti* (incl. *Phialoseptomonium* gen. nov.) on *Eucalyptus grandis* × *camaldulensis* leaves, *Phlogicylindrium pawpawense* on *Eucalyptus tereticornis* leaves, *Phyllosticta longicauda* as an endophyte from healthy *Eustrephus latifolius* leaves, *Pseudosydowia eucalyptorum* on *Eucalyptus* sp. leaves, *Saitozyma wallum* on *Banksia aemula* leaves, *Teratosphaeria henryi* on *Corymbia henryi* leaves. **Brazil**, *Aspergillus bezerrae*, *Backusella azygospora*, *Mariannaea terricola* and *Talaromyces pernambucoensis* from soil, *Calonectria matogrossensis* on *Eucalyptus urophylla* leaves, *Calvatia brasiliensis* on soil, *Carcinomyces norddestinensis* on *Bromelia antiacantha* leaves, *Dendryphiella stromaticola* on small branches of an unidentified plant, *Nigrospora brasiliensis* on *Nopalea cochenillifera* leaves, *Penicillium alagoense* as a leaf endophyte on a *Miconia* sp., *Podosordaria nigrobrunnea* on dung, *Spegazzinia bromeliacearum* as a leaf endophyte on *Tilandsia catimbauensis*, *Xylobolus brasiliensis* on decaying wood. **Bulgaria**, *Kazachstania molopis* from the gut of the beetle *Molops piceus*. **Croatia**, *Mollisia endocrystallina* from a fallen decorticated *Picea abies* tree trunk. **Ecuador**, *Hygrocybe rododaculata* on soil. **Hungary**, *Alfoldia vorosii* (incl. *Alfoldia* gen. nov.) from *Juniperus communis* roots, *Kiskunsagia ubrizsyi* (incl. *Kiskunsagia* gen. nov.) from *Fumana procumbens* roots. **India**, *Aureobasidium tremulum* as laboratory contaminant, *Leucosporidium himalayensis* and *Naganishia indica* from windblown dust on glaciers. **Italy**, *Neodevriesia cycadicola* on *Cycas* sp. leaves, *Pseudocercospora pseudomyrticola* on *Myrtus communis*

© 2019 Naturalis Biodiversity Center & Westerdijk Fungal Biodiversity Institute

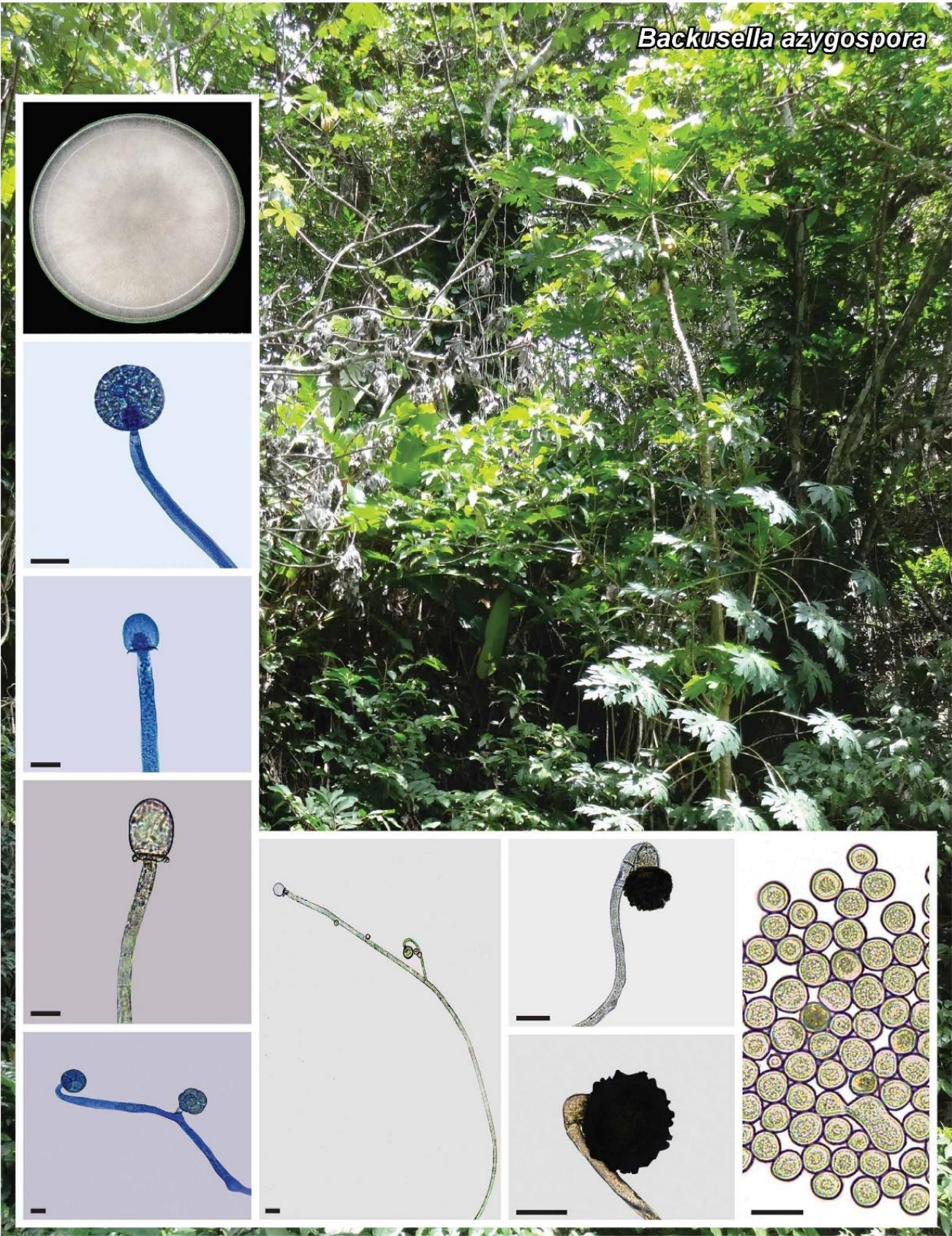
You are free to share - to copy, distribute and transmit the work, under the following conditions:

Attribution: You must attribute the work in the manner specified by the author or licensor (but not in any way that suggests that they endorse you or your use of the work).

Non-commercial: You may not use this work for commercial purposes.

No derivative works: You may not alter, transform, or build upon this work.

For any reuse or distribution, you must make clear to others the license terms of this work, which can be found at <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/legalcode>. Any of the above conditions can be waived if you get permission from the copyright holder. Nothing in this license impairs or restricts the author's moral rights.



Fungal Planet 908 – 19 July 2019

Backusella azygospora* T.R.L. Cordeiro, Hyang B. Lee & A.L. Santiago, *sp. nov.*Etymology.* Name refers to the production of azygospores.*Classification* — *Backusellaceae*, *Mucorales*, *Mucoromycotina*, *Mucoromycota*.

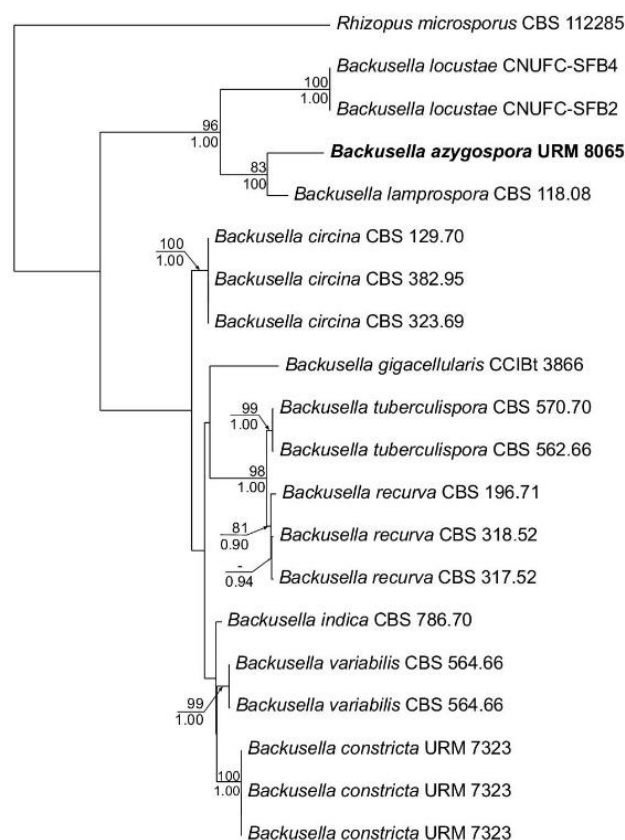
Mycelium hyaline. *Rhizoids* present, well branched, balled and matted. *Sporangiophores* arising directly from the substrate, curved when young and becoming erect in maturity, with smooth or slightly encrusted walls, up to 12 µm diam, constrictions below the sporangia; majority with simple or sympodial branches with long and short asymmetrical ramifications. Shorter branches may be circinate, usually supporting pedicels from which sporangia originate. A septum observed near the point of azygosporangial formation or below the sporangia, and not always present. *Sporangia* yellowish, becoming light brown, globular or slightly flattened with short, hyaline and vitreous spines, and a deliquescent wall up to 70 µm diam. *Columellae* of *sporangiohores* hyaline, smooth or slightly encrusted, majority ellipsoid, cylindrical, ellipsoid to slightly piriform (18–)22–35(–42) × (19–)22–30(–35) µm, globose and subglobose, (14–)20–40(–50) µm diam. Collar evident with no needle-like spines. *Sporangia* present, easily found after fifth day of inoculation, abundant when multispored and rarely unispored, both with persistent, spinulose and vitreous walls, up to 40 µm diam. *Columellae* of *sporangia* hyaline, smooth-walled, globose, subglobose up to 15 µm diam and subglobose to conical (7–)12 × 14(–20) µm. *Sporangiospores* globose and subglobose (4.5–)9–22(–30) µm diam, some irregular (14.5–)33 × 12(–18) µm, smooth-walled, hyaline. *Azygosporangia* up to 110 µm diam, initially hyaline or yellow, becoming dark brown to black, globose, some flattened, wall with conical projections. *Azygospores* up to 50 µm diam, globose, smooth-walled. *Suspensor cells* up to 55 × 48 µm, heavily encrusted walls. *Zygosporangia* not observed.

Culture characteristics and temperature tests — Colony light grey, powdery in aspect (MP5 A7), exhibiting rapid growth (9 cm diam and 0.5 cm height) after 5 d in MEA, at 25 °C. Reverse yellow to cloudy amber (MP12 K3) on MEA (Maerz & Paul 1950). Azygosporangia visible to the naked eye. At 10 °C – lack of growth and sporulation. At 15 °C – slow growth (9 cm diam in 360 h); poor sporulation. At 20 °C – good growth (9 cm diam in 240 h); good sporulation. At 25 °C – better growth (9 cm diam in 96 h); excellent sporulation. At 30 °C – slow growth (9 cm diam in 360 h); poor sporulation. At 35 °C – lack of growth and sporulation. *Backusella azygospora* exhibited better growth and sporulation in MEA than in PDA at all tested temperatures.

Typus. BRAZIL, Saloá municipality, Pernambuco State, S09°00.418' W036°46.898', isolated from soil samples, 22 Nov. 2018, T.R.L. Cordeiro (holotype URM 92986, culture ex-type URM 8065, ITS and LSU sequences GenBank MK625216 and MK625222, MycoBank MB830270).

Colour illustrations. Fragment of an Upland Atlantic Forest within the semi-arid region in the municipal region of Saloá, in the state of Pernambuco, in north-eastern Brazil. Colony surface on MEA; simple sporangiophore with sporangium; simple sporangiophore with columellae; simple sporangiophore with sporangia; branched sporangiophore with columella and sporangium; azygosporangia; sporangiospores. Scale bars = 25 µm.

Notes — *Backusella azygospora* differs from other species of the genus based on its morphological characters and the phylogenetic relationships established based on the ITS and LSU rDNA regions. Morphologically, *B. azygospora* is the only species of *Backusella* that produces azygosporangia and azygospores. In the ITS rDNA phylogenetic tree *B. azygospora* was nested near the *B. lamprospora* clade, and data provided by BLASTn revealed 84 % and 95 % (ITS and LSU rDNA, respectively) of similarity between both species. However, *B. lamprospora* is characterised by producing globular or ovoid hemispherical columellae, differing from those found in *B. azygospora*, which may be cylindrical, ellipsoid, ellipsoid to slightly pyriform, globose and subglobose to conical. Additionally, sporangiospores of *B. azygospora* are globose and subglobose, some irregular in size and shape, and larger than the subglobose sporangiospores of *B. lamprospora* (6.8–)8–13(–14.5) × (6.4–)7.6–13(–14) µm (Benny & Benjamin 1975).



0.1

Phylogenetic tree of *Backusella* conducted using the ITS rDNA sequences. *Rhizopus microsporus* CBS 112285 was used as outgroup. Sequences are labelled with their database accession numbers. Support values are from maximum likelihood analyses and Bayesian inference (values above and below the branches, respectively). Bayesian inference and maximum likelihood analyses were performed with MrBayes (Ronquist & Huelsenbeck 2003) and PhyML (Guindon & Gascuel 2003), respectively, launched from TOPALi (Milne et al. 2004). The new species is in bold. Bootstrap support values above 80 % are indicated.

Thalline R.L. Cordeiro, Diogo X. Lima & André Luiz C.M.A. Santiago, Departamento de Micologia, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brazil; e-mail: thalline.leite30@gmail.com, diogo_xavier00@hotmail.com & andreleicabral@msn.com
 Hyang B. Lee, Environmental Microbiology Lab, Division of Food Technology, Biotechnology & Agrochemistry, College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Korea; e-mail: hblee@jnu.ac.kr
 Rafael J.V. de Oliveira, Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (CEPLAC)/CEPEC, Itabuna, Bahia, Brazil; e-mail: rafaelvilela87@gmail.com

APÊNDICE B: Cordeiro, T.R.L., Nguyen T.T., Lima, D.X., Silva, S.B., Lima, C.F., Leitão, Dar’c, J.D.A., Melo, Gurgel, L.M.S., Lee, H.B., Santiago, A.L.C.M.A. 2020. Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest. *Acta Botanica Brasilica* 34(3): 549–558.



Acta Botanica Brasilica

doi: 10.1590/0102-33062020abb0040

Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest

Thalline Raffaella Leite Cordeiro¹ , Thuong Thuong Thi Nguyen² , Diogo Xavier Lima¹ , Suzana Brito Gomes da Silva¹ , Catarina Ferreira de Lima¹ , Joana D'Arc Alves Leitão¹ , Luciana Melo Sartori Gurgel³ , Hyang Burm Lee² and André Luiz Cabral Monteiro de Azevedo Santiago^{1*}

Received: February 11, 2020

Accepted: June 12, 2020

ABSTRACT

During a survey of Mucorales in soil from an upland forest area in Pernambuco, Brazil, two specimens were isolated and characterized based on their morphological, physiological, and molecular data (ITS and LSU rDNA). Phylogenetic analyses of the isolates revealed that the strains URM 8209 and URM 8210 are closely related to species of *Absidia*. URM 8209 forms conical, subglobose, and strawberry-shaped columellae and the sporangiospores are cylindrical and ellipsoid. URM 8210 produces hemispheric, subglobose, and strawberry-shaped columellae and the sporangiospores are globose, subglobose, ellipsoid, and short cylindrical. Based on evidence obtained through analysis of datasets (LSU and ITS rDNA regions), *A. saloensis* sp. nov. (URM 8209) and *A. multispora* sp. nov. (URM 8210) are proposed here as novel species. A table with morphological characteristics of Neotropical *Absidia* spp. is provided.

Keywords: Cunninghamellaceae, Mucoromyceta, rDNA, soil, taxonomy

Introduction

The genus *Absidia* is composed of cosmopolitan fungal species commonly isolated from soil, herbivorous dung and decaying substrates (van Tieghem 1878). Species of this genus commonly produce sporangiophores in whorls, arising from stolons that bear apophysate and pyriform sporangia with a deliquescent wall. Rhizoids are never opposed to sporangiophores (Benny 2001), and columellae may be conical, subglobose, or aplanate, frequently showing an apical projection (van Tieghem 1878; Hoffmann *et al.* 2007). *Absidia* species reproduce asexually by the formation of sporangiospores and sexually through the formation of zygosporangia supported by opposite

suspensory cells that have appendages (Hoffmann *et al.* 2007; Hoffmann 2010).

Among mucoralean species of *Absidia* that have been studied for their industrial importance, *A. coerulea* specimens are capable of transforming saponins that show high yield and regioselectivity to 20 (S)-protopanaxatriol (Chen *et al.* 2007). *Absidia glauca* performs biotransformation of 3-Oxo-Oleanolic acid resulting in hydroxylated metabolites and both species mentioned above are excellent chitosan producers used in food processing, antimicrobial production and biotransformation of steroid products (Abdel-Fattah *et al.* 1984; Smith *et al.* 1989; Muzzarelli *et al.* 1994; Brzezowska *et al.* 1996; Huszcza & Gladysz 2003 Rungsardthong *et al.* 2006; Dai *et al.* 2009). *Absidia griseola* has biotransformation

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, PE, Brazil

² Environmental Microbiology Lab, Department of Agricultural Biological Chemistry, College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, 61186, Gwangju, Korea

³ Instituto Agrônomo de Pernambuco, 50761-000, Recife, PE, Brazil

* Corresponding author: andre.lcabral@msn.com



capacity, carrying out microbial hydroxylation of progesterone resulting in 14 α -hydroxyprogesterone and 6 β , 11 α -dihydroxyprogesterone (Habibi *et al.* 2012). *Absidia fusca* and *A. cylindrospora* are used in bioremediation processes due to their ability to degrade polycyclic aromatic compounds, such as hydrocarbons (Guiraud *et al.* 2008). Specimens of *A. cylindrospora* have also been used for biosorption of Cadmium, Copper and Lead metals under experimental conditions (Albert *et al.* 2018).

Hesseltine & Ellis (1964; 1966) and Ellis & Hesseltine (1965) monographed the genus *Absidia* and grouped its species based on the shape of sporangiospores. Later, in a molecular-physiology and micromorphology study of *Absidia*, Hoffmann *et al.* (2007) showed that the species of this genus basically consisted of three groups separated according to the growth temperatures: (1) mesophilic species, with ideal growth between 25 and 34 °C (includes all currently accepted *Absidia s.s* species), (2) mycoparasite species of other mucoralean fungi, with optimal growth between 14 and 25 °C (species after being transferred to *Lentamyces*), and (3) thermotolerant species, with optimal growth between 37 and 45 °C [species after being transferred to *Lichtheimia* by Hoffmann *et al.* (2009)]. In the last 10 years, six new *Absidia* species have been reported worldwide: *A. caatinguensis*, *A. jindoensis*, *A. koreana*, *A. panacisoli*, *A. stercoraria*, and *A. terrestris* (Ariyawansa *et al.* 2015; Li *et al.* 2016; Crows *et al.* 2018; Wanasinghe *et al.* 2018; Zhang *et al.* 2018).

During a survey on the diversity of mucoralean fungi in soils of upland forest fragments in the semiarid area of Brazil, two specimens of *Absidia* that varied morphologically and genetically in comparison with the other species of the same genus were isolated. Based on morphological, physiological, and molecular analyses (LSU and ITS rDNA regions), two new species of *Absidia* are being proposed here.

Materials and methods

Sampling sites

Soil samples were collected from the Brejo Nature Reserve (09°00.418' S 036°46.898' W) located in Saloá municipality, Pernambuco State, Brazil. The average annual temperature in this region is 20 °C, with the rainy season beginning in January/February and ending in September/October and precipitation ranging between 0 to 50 mm in the driest months and 50 to 100 mm in the wettest months. The vegetation is a predominant trait of the species of the Atlantic ombrophilous and semi-deciduous forests, being found in the herbaceous areas composed of litter, shrubby vegetation, grasses, and shrubs. The soil has a podzolic characteristic, with areas ranging from being clayey to containing granite blocks (Silva-Júnior *et al.* 2012).

Isolation and purification of *Absidia* spp.

Five milligrams of soil were inoculated directly into Petri dishes containing wheat germ agar culture medium (Benny 2008) plus chloramphenicol (80 mg.L⁻¹), in triplicate. Growth was observed for seven days at room temperature (28 °C) under alternating light and dark conditions. Fragments of mycelium were removed directly from the Petri dishes under a Leica EZ4 stereomicroscope and transferred to malt extract agar plates (MEA) (Benny 2008). Slides corresponding to the holotypes of *A. saloaensis* sp. nov. (URM 94180) and *A. multisporea* sp. nov. (URM 94181) were deposited in the Herbarium URM of the Universidade Federal de Pernambuco. Ex-type living cultures of *A. saloaensis* sp. nov. (URM 8209) and *A. multisporea* sp. nov. (URM 8210) were deposited in the culture collection Micoteca URM of the Universidade Federal de Pernambuco. Pure cultures were also deposited in the culture collection (CNUFC) of the Environmental Microbiology Laboratory Fungarium, Chonnam National University, Gwangju, Korea (*A. saloaensis* sp. nov. CNUFC B190012 and *A. multisporea* sp. nov. CNUFC B190013).

Growth experiments

Pure cultures were grown in triplicates in MEA and potato dextrose agar (PDA) and incubated at 15, 20, 25, 28, 30, and 35 °C for 15 days. For morphological identification, fragments were removed from the cultures and observed under a stereomicroscope (Carl Zeiss Axioscope 40) and light microscope (Leica DM500). The color designation of the colonies was performed according to previous literature (Maerz & Paul 1950).

Molecular analysis (DNA extraction, amplification, cloning and sequencing)

Genomic DNA was extracted from fresh fungal mycelia that were grown on cellophane at 25 °C for four days using the SolgTM Genomic DNA Preparation Kit (Solgent Co. Ltd., Daejeon, Korea) according to the manufacturer's instructions with a few modifications. The modifications included the DNA precipitated overnight at -20 °C using an equal volume of ice-cold 100 % isopropanol and the DNA pellet was washed twice using 500 μ L of ice-cold 70 % ethanol. The rDNA ITS region was amplified using the ITS1 and ITS4 primers (White *et al.* 1990), and LROR and LR3 were used to amplify the large subunit (LSU) rDNA (Vilgalys & Hester 1990; Rehner & Samuels 1995). The PCR products were purified using an Accuprep PCR Purification Kit (Bioneer Corp.). PCR products of the LSU region were used for direct sequencing on the ABI PRISM 3730XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, California, USA) (Macrogen, Daejeon, Korea).



Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest

Since direct sequencing of the ITS region from PCR products was unsuccessful, PCR products were cloned using the pGEM-T Easy Vector System (Promega) cloning kit, following the manufacturer's instructions. These clones were sequenced using primers M13F forward (5'-GTAAAACGACGGCCAGT-3') and M13R-pUC reverse (5'-CAGGAAACAGCTATGAC-3') by ABI PRISM 3730XL Genetic Analyzer.

Sequence alignment and phylogenetic analyses

Raw sequences were assembled and edited (edges trimmed) using BioEdit (Hall 1999). All sequence data used in this study were obtained from GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Sequences were aligned using MAFFT 7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server>) (Kato et al. 2019) and then manually refined in MEGA7 (Kumar et al. 2016). Bayesian inference (two runs over 3×10^6 generations with a burn-in of 2500) and maximum likelihood (with support estimated by bootstrap analysis with 1000 replicates) analyses were performed with MrBayes 3.2.2 (Ronquist et al. 2012) and PhyML 3.0 (Guindon et al. 2010), respectively. The best-fit model of nucleotide substitution for each data set was obtained using jModelTest v.2.1.10 software (Guindon & Gascuel 2003; Durrin et al. 2012).

Sequence data were compared with those of similar sequences available in the National Center for Biotechnology Information GenBank database using BLASTn. The newly obtained sequences were deposited in the GenBank database: *A. saloaensis* sp. nov.: ITS (MN953781), LSU (MN953783), and *A. multispora* sp. nov.: ITS (MN953780), LSU (MN953782) (Tab. 1).

Results

Phylogenetic analyses

The phylogenetic relationship of two novel species and related species was determined by analysis of concatenated sequences datasets of two loci (ITS and LSU) (Fig. 1). The concatenated alignment consisted of 1516 characters (including alignment gaps) with 816 and 700 characters used in the ITS and LSU, respectively. TIM2+I+G was found to be the most suitable model for the analysis of the concatenated ITS-LSU sequences. *Absidia multispora* URM 8210 was closely related to *A. anomala* CBS 125.68. The BLASTn search revealed that the ITS and LSU sequences of URM 8210 strain were 92.7% and 97.7% identical with *A. anomala* (GenBank accession numbers: EF030523 and JN982937), respectively. *Absidia saloaensis* URM 8209 was clustered together with *A. koreana* EML-IFS45-1 in the concatenated ITS-LSU tree. In addition, the BLASTn search showed that ITS and LSU sequences of URM 8209 were 83.14% and 93.9% homologous with *A. koreana*

(GenBank accession numbers: KR030062 and KR030056), respectively.

Taxonomy

Absidia multispora T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago **sp. nov.** (Fig. 2A-I).

Etymology: multispora. Reference to variable-shaped sporangiospores that are produced.

Diagnosis: Differs from other species of *Absidia* by the combination of the following characters: globose, subglobose, ellipsoid, cylindrical, short-cylindrical, and irregular sporangiospores. Sporangia subglobose and pyriform and columellae which are hemispheric, subglobose and strawberry-shaped, some of them with a projection on their surface.

Type: Brazil, Pernambuco: Saloá, Fazenda Brejo Nature Reserve (09°00.418' S 036°46.898' W) isolated from soil samples, 10 Nov 2018, T.R.L. Cordeiro (Holotype: URM 94181, Herbarium URM; Ex-type: URM 8210, Micoteca URM). Index Fungorum number: IF557224. GenBank accession numbers: MN953780 and MN953782 (ITS and LSU, respectively).

Description: Colony brownish gray turning dark gray (MP21 A1, gray-drab), zoned, colonizing the entire Petri dish (9 cm in diam) within five days at 28 °C; light gray reverse (MP20 A1, miner-grey). Odor absent. Rhizoids present, short or long, branched or unbranched. Stolons light gray, with slightly encrusted wall. Sporangioophores slightly brownish-gray, arising from stolons, usually unbranched, single or in whorls of 2 (4), occasionally with aging, up to 270 µm in length and 5 µm in width, some with one swelling, thick-walled; successive branches may originate from abortive sporangia; one septum was observed near the apophysis, two septa were rarely present. Sporangia brownish-gray, apophysate, subglobose, and pyriform, up to 30 µm in diam, multispored, and smooth-walled. Columellae hyaline, hemispheric, subglobose, and strawberry-shaped, (7-) 10-16 × (-7) 10-15 (-20) µm, smooth-walled. Projection on columellae present or absent; when present, mostly conical, short or thin, elongated, needle-like, up to 5 × 2.5 µm. Collar usually evident. Sporangiospores brownish-gray, globose, subglobose (2.5-) 5-7.5 (-9), ellipsoid, short cylindrical, broadly-ellipsoidal, irregular, 5-9.5 (-12) × (3.5) 5-7.5 (-9) µm, smooth, and thick-walled. Chlamydospores absent. Zygospores not observed.

Absidia saloaensis T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago **sp. nov.** (Fig. 3A-I).

Etymology: saloaensis. Reference to the city (Saloá) from where the species was first isolated.



Thalline Raffaella Leite Cordeiro, Thuong Thuong Thi Nguyen, Diogo Xavier Lima, *et al.***Table 1.** Accession numbers in collection cultures and voucher numbers of sequences used for the phylogenetic analysis

Species name	Collection No.	GenBank accession No.	
		ITS	LSU
<i>Absidia anomala</i> Hesselt. & J.J. Ellis	¹ CBS 125.68 ^T ⁵ FSU5798	JN205815 EF030523	JN206593 -
<i>Absidia caatinguensis</i> D.X. Lima & A.L. Santiago	⁶ URM7156 ^T	KT308168	KT308170
<i>Absidia californica</i> J.J. Ellis & Hesselt.	¹ CBS 314.78	JN205816	JN206582
<i>Absidia coerulea</i> Baimier	¹ CBS 102.28 ¹ CBS 104.08	JN205821 JN205811	JN206584 HM849703
<i>Absidia cuneospora</i> G.F. Orr & Plunkett	¹ CBS 101.59 ^T ¹ CBS 102.59	- JN205819	JN206580 JN206579
<i>Absidia cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i> Hagem	¹ CBS 100.08	JN205822	JN206588
<i>Absidia cylindrospora</i> var. <i>nigra</i> Hesselt. & J.J. Ellis	¹ CBS 127.68 ^T	-	JN206589
<i>Absidia cylindrospora</i> var. <i>rhizomorpha</i> Hesselt. & J.J. Ellis	¹ CBS 153.63 ^T	-	JN206594
<i>Absidia fusca</i> Linnem.	¹ CBS 102.35 ^T ¹ CBS 346.97	JN205814 JN205817	HM849707 -
<i>Absidia glauca</i> Hagem	¹ CBS 101.08 ¹ CBS 100.48	JN205810 JN205820	HM849705 JN206581
<i>Absidia heterospora</i> Y. Ling	¹ CBS101.29 ^T	-	JN206595
<i>Absidia jindoensis</i> Hyang B. Lee & T.T.T. Nguyen	² CNUFC-PTI1-1 ^T	MF926622	MF926616
<i>Absidia koreana</i> Hyang B. Lee, Hye W. Lee & T.T. Nguyen	³ EML-IFS45-1 ^T ³ EML-IFS45-2	KR030062 KR030063	KR030056 KR030057
<i>Absidia macrospora</i> Vánová	⁵ FSU4746 ¹ CBS 697.68 ^T	AY944882 -	EU736303 HM849704
<i>Absidia multispora</i> sp. nov. T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	⁶ URM 8210 ^T	MN953780	MN953782
<i>Absidia pseudocylindrospora</i> Hesselt. & J.J. Ellis	¹ CBS 100.62 ^T	NR_145276	JN206591
<i>Absidia psychrophilia</i> Hesselt. & J.J. Ellis	¹ CBS 17268 ^T	-	JN206587
<i>Absidia repens</i> Tiegh.	¹ CBS 115583	JN205813	HM849706
<i>Absidia saloensis</i> sp. nov. T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	⁶ URM 8209 ^T	MN953781	MN953783
<i>Absidia spinosa</i> var. <i>spinosa</i> Lendn.	¹ CBS 106.08	JN205809	JN206590
<i>Absidia terrestris</i> Rosas de Paz, Dania García, Guarro, Cano & Stchigel	⁴ FMR 14989 ^T	LT795003	LT95005
<i>Chlamydoabsidia padenii</i> Hesselt. & J.J. Ellis	¹ CBS 172.67 ^T	-	JN206586
<i>Cunninghamella phaeospora</i> Boedijn	¹ CBS 692.68 ^{NT}	JN205864	HM849697
<i>Cunninghamella vesiculosa</i> P.C. Misra	¹ CBS 989.96 ^T	JN205897	HM849693
<i>Halteromyces radiatus</i> Shipton & Schipper	¹ CBS 162.75 ^T	-	JN206596

¹ CBS culture collection of the Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, The Netherlands; ² CNUFC: Chonnam National University Fungal Collection, Gwangju, South Korea; ³ EML: Environmental Microbiology Laboratory (Fungarium, Chonnam National University), Gwangju, South Korea; ⁴ FMR: Universitat Rovira i Virgili (URV), Tarragona, Spain; ⁵ FSU: Friedrich Schiller University, Jena, Germany; ⁶ URM Micoteca and URM herbarium: Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brazil; ^T and ^{NT} = ex-type and ex-neotype strains.

Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest

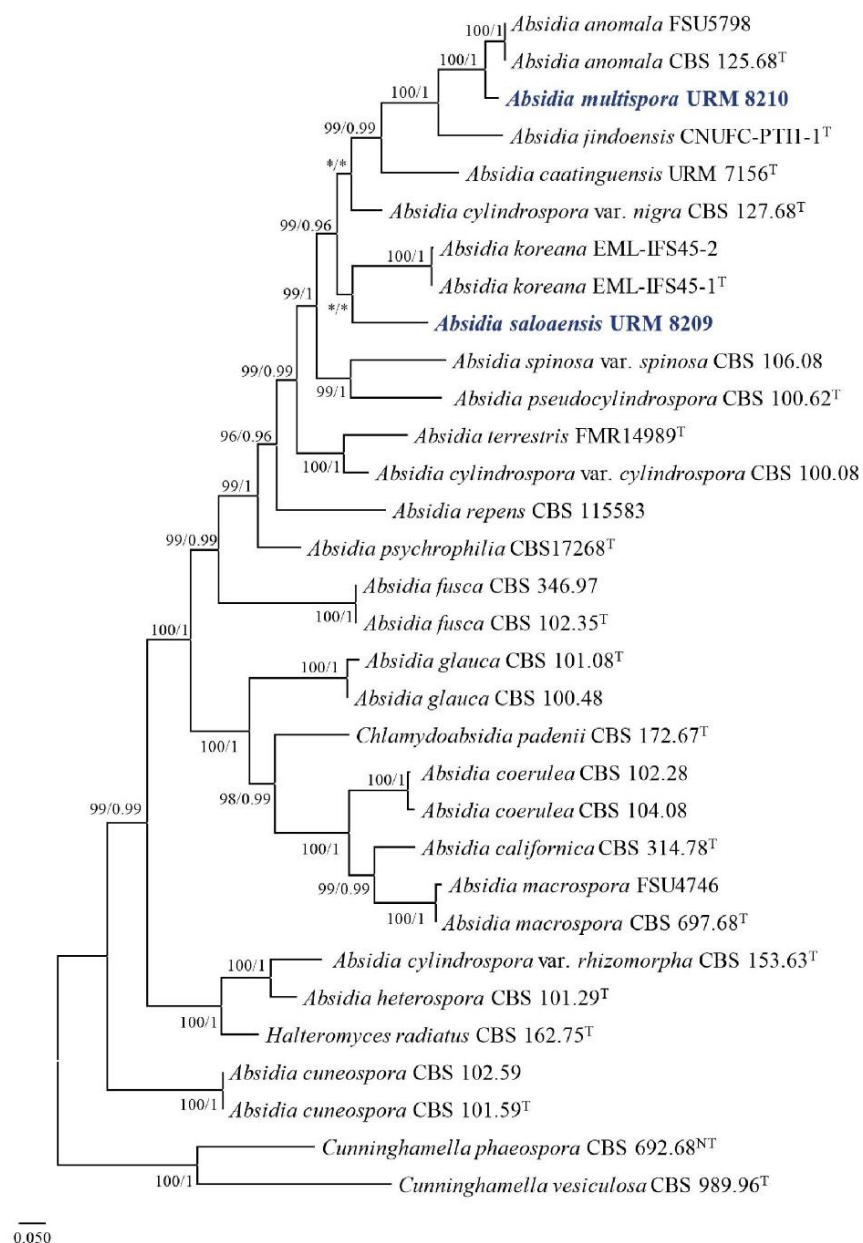


Figure 1. Phylogenetic tree of *Absidia multispora* URM 8210 and *Absidia saloaensis* URM 8209 and related species based on maximum likelihood (ML) analysis of a combined DNA data set of ITS and LSU sequences. Bootstrap values for Bayesian posterior probabilities (BYPP) over 0.95 and maximum likelihood greater than 70 % are placed above the branches. Bootstrap values lower than 0.95 and 70 % are marked with "*", and absent are marked with "-". The bar indicates the number of substitutions per position. *Cunninghamamella phaeospora* CBS 692.68 and *Cunninghamamella vesiculosa* CBS 989.96 were used as outgroups. The new species are in blue and the type species are indicated with ^T (ex-type) or ^{NT} (neotype).



Thalline Raffaella Leite Cordeiro, Thuong Thuong Thi Nguyen, Diogo Xavier Lima, *et al.*

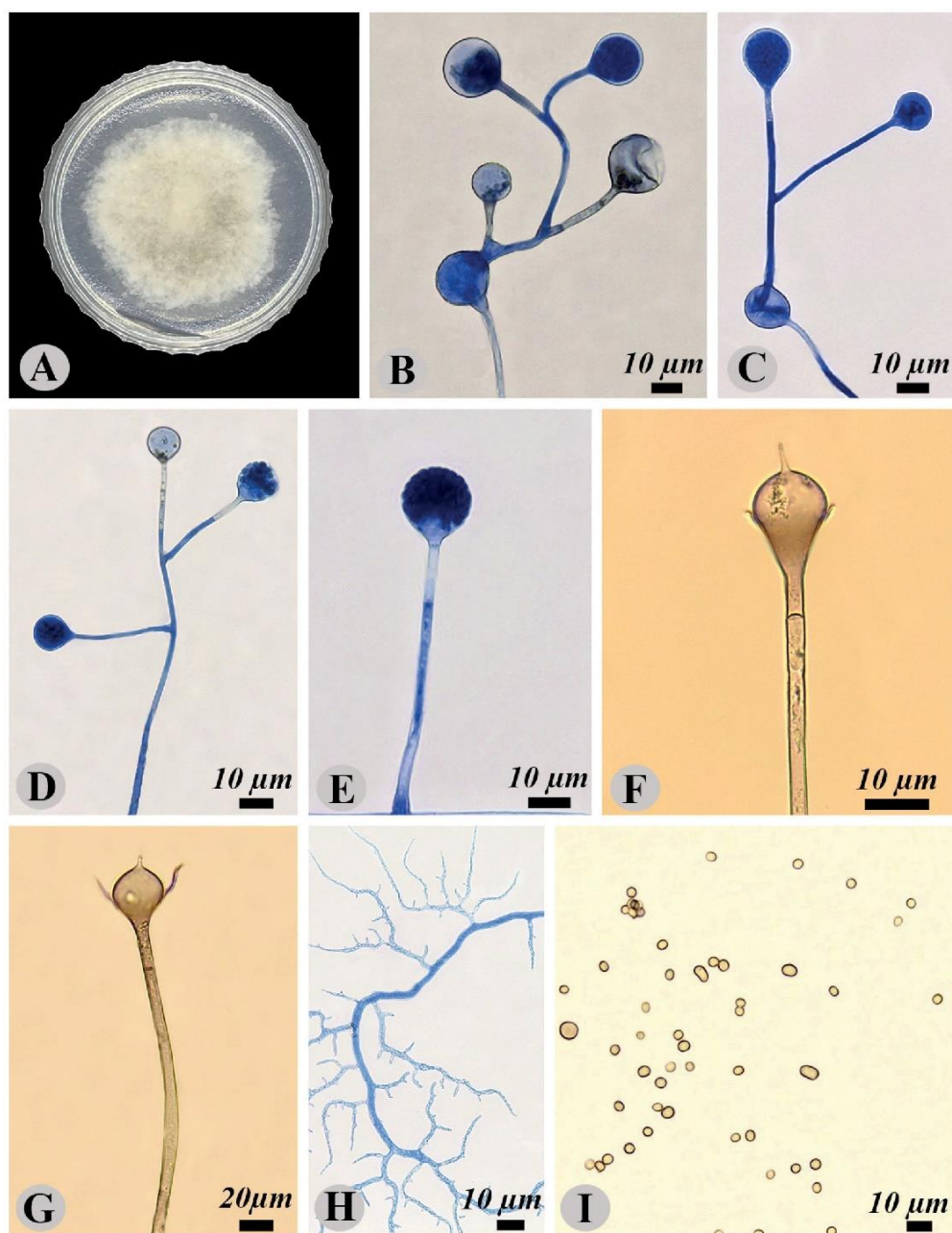


Figure 2. *Absidia multispora* (URM 8210). **A.** Surface of colony on PDA at 28°C; **B, C.** Branched sporangiophore with fertile sporangia and an abortive sporangium; **D.** Branched sporangiophore with fertile sporangia; **E.** Unbranched sporangiophore with sporangium; **F, G.** Unbranched sporangiophore with a columella with one projection on its surface; **H.** Rhizoids; **I.** Sporangiospores. Bars: B, C, D, E, F, G, I = 10 μ m; H = 20 μ m.



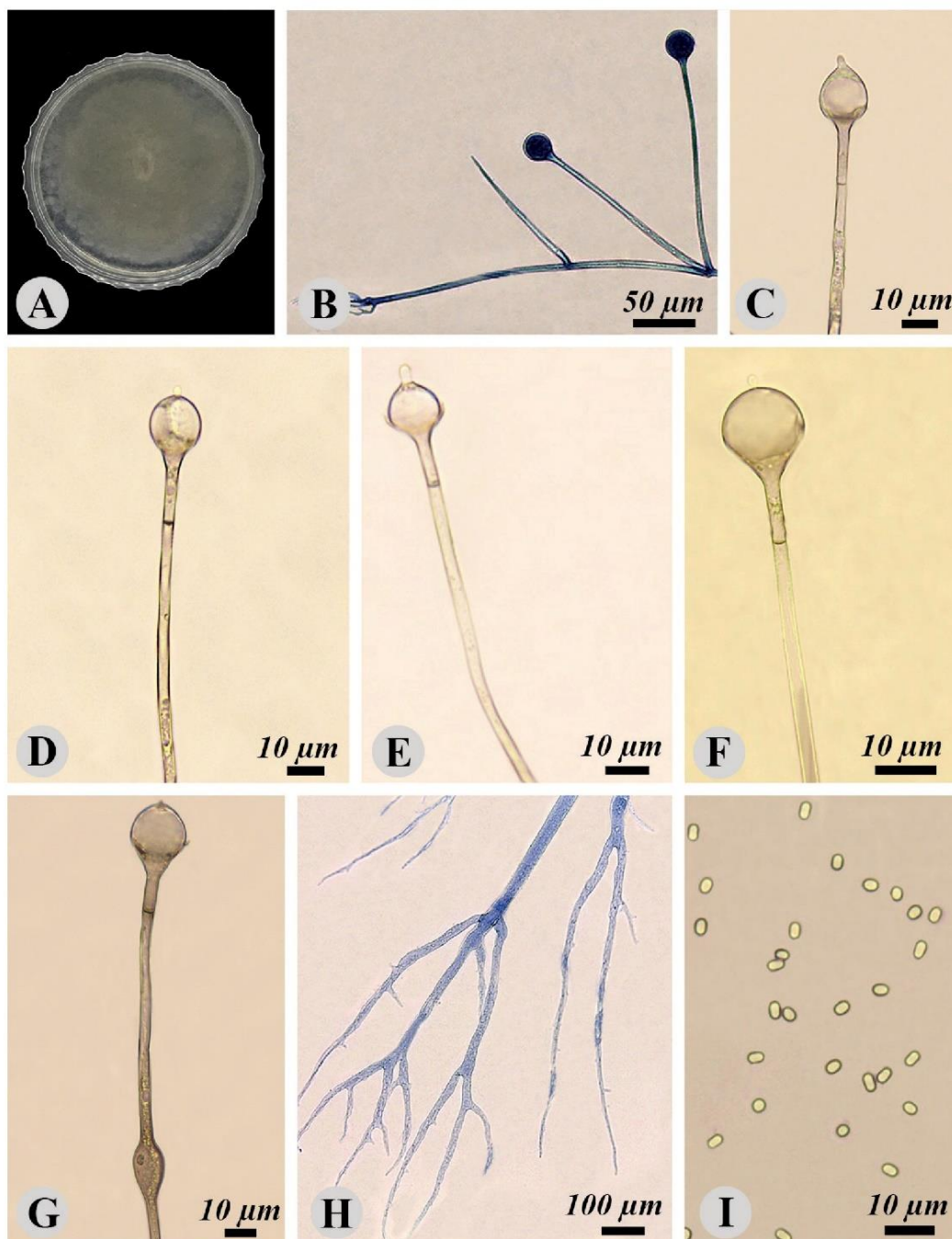
Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest

Figure 3. *Absidia saloaensis* (URM 8209). **A.** Surface of colony on PDA at 28°C; **B.** Two sporangiophores in a whorl with sporangia and rhizoids; **C, D, E, F, G.** Unbranched sporangiophore with a columella with one projection on its surface; **H.** Rhizoids; **I.** Sporangiospores. Bars: B = 50 µm; C, D, E, F, G, I = 10 µm; H = 100 µm.



Diagnosis: Differs from other species of *Absidia* by the combination of the following characters: strawberry-shaped columellae, and cylindrical and elliptical sporangiospores.

Type: Brazil, Pernambuco: Saloá, Fazenda Brejo Nature Reserve, 09°00.418' S 036°46.898' W, isolated from soil samples, 10 Nov 2018, T.R.L. Cordeiro (Holotype: URM 94180, Herbarium URM; Ex-type: URM 8209, Micoteca URM). Index Fungorum number: IF557227. GenBank accession: MN953781 and MN953783 (ITS and LSU, respectively).

Description: Colony grayish-brown (MP22 C1, dusty-gr.) colonizing the entire Petri dish (9 cm in diam) within five days at 28 °C; reverse grayish-white zoned (MP21 B2, olive-gray). Odor absent. Rhizoids present, weakly branched. Stolons hyaline, smooth-walled. Sporangiphores hyaline, long and short, growing along the stolons and terminally, up to 280 µm in length and 6 µm in width, erect, slightly encrusted walled, with one septum near the apophysis, and occasionally with one swelling; solitary or more often in whorls of 5 (6); sporangia hyaline, pyriform (15–) 20–35 µm in diam, multispore, deliquescent, smooth-walled, apophysate. When the sporangium wall liquefies, some sporangiospores may remain attached to the columellae. Columellae hyaline, conical to subglobose and strawberry-shaped, (4.5–) 7–22 × (5–) 8.5–20 (–25) µm, smooth-walled; collar visible. Projection on the columella generally elliptical, conical, or needle-shaped, up to 5 × 3.5 µm, occasionally short, almost inconspicuous. Sporangiospores hyaline, mostly cylindrical and elliptical, (3.5–) 5–7 (9.5) × 2.5–3.5 (–5) µm, some slightly constricted in the center, smooth-walled. Chlamydospores absent. Zygosporangia not observed.

Discussion

Morphologically, *A. saloensis* sp. nov. and *A. multispora* sp. nov. present characteristics of the *Absidia* sensu stricto group, such as apophysate sporangiphores arising from stolons, rhizoids never opposed to sporangiphores, and pyriform sporangia (Benny 2001). For the Neotropical region, only nine species had been reported (Tab. 2).

Absidia multispora sp. nov. is phylogenetically closely related to *A. anomala* (Fig. 1). However, morphologically, the former differs from *A. anomala* in the size and shape of sporangiospores and columellae. *Absidia anomala* produces cylindrical sporangiospores with 3–4 × 2.2 µm, differing from *A. multispora* sp. nov. that produces sporangiospores globose, subglobose (2.5–) 5–7.5 (–9) µm, ellipsoidal, short cylindrical, broadly-ellipsoidal, and irregular with 5–9.5 (–12) × (3.5) 5–7.5 (–9) µm. Additionally, the columellae of *A. multispora* are hemispherical, subglobose, and strawberry-shaped, unlike the ones of *A. anomala* that are hemispherical only (Hesseltine & Ellis 1964).

Absidia saloensis sp. nov. is phylogenetically related to *A. koreana* (Fig. 1), but morphologically both species are different. *A. saloensis* produces bigger columellae and sporangiospores than those observed in *A. koreana*. Furthermore, *A. saloensis* produces strawberry-shaped columellae, while *A. koreana* has globose columellae. The sporangiospores of *A. koreana* are cylindrical with 2.07–4.28 × 1.73–1.98 µm (Ariyawansa et al. 2015), unlike *A. saloensis* sp. nov. sporangiospores that are cylindrical and elliptical with (3.5–) 5–7 (9.5) × 2.5–3.5 (–5) µm.

In conclusion, our molecular analyses (ITS and LSU rDNA) show that *A. multispora* sp. nov. and *A. saloensis* sp. nov. are genetically different from other *Absidia* species. Additionally, both novel isolates exhibit a combination of morphological traits that are not yet described for other *Absidia* species. In addition to their bioremediation capacity, *Absidia* species present great potential as chitosan producers and biotransformers of saponins, organic acids, and steroids. Therefore, future experiments to elucidate whether *A. saloensis* and *A. multispora* exhibit industrial potential should be highly encouraged.

Acknowledgements

The authors express their gratitude to Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for the scholarships provided to authors and for the research grant awarded to A.L. Santiago. This manuscript was financed by the project 'Diversity of Mucoromycotina in the different ecosystems of the Atlantic Rainforest of Pernambuco' (FACEPE –APQ 0842– 2.12/14) and was supported in part by the Graduate Program for the Undiscovered Taxa of Korea funded by NIBR of the Ministry of Environment (MOE) of Korea.

References

- Abdel-Fattah AF, Ismail AMS, El-Aasar SA. 1984. Production of rennin-like enzyme by *Absidia cylindrospora*. *Agricultural Wastes* 11: 125–131.
- Albert Q, Leleyte L, Lemoine M, et al. 2018. Comparison of tolerance and biosorption of three trace metals (Cd, Cu, Pb) by the soil fungus *Absidia cylindrospora*. *Chemosphere* 196: 386–392.
- Ariyawansa HA, Hyde KD, Jayasiri SC, et al. 2015. Fungal diversity notes 111–252–taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity* 75: 27–274.
- Benny GL, Humber R, Morton J. 2001. The Zygomycota: Zygomycetes. In: McLaughlin DJ, McLaughlin EG, Lemke PA (eds.) *The Mycota. Systematics and Evolution*. Verla, Springer. p. 84–195.
- Benny GL. 2008. The methods used by Dr. R.K. Benjamin, and other Mycologists to isolate Zygomycetes. *Aliso: A Journal of Systematic and Evolutionary Botany* 26: 37–61.
- Brzezowska E, Dmochowska-Gladysz J, Kolek T. 1996. Biotransformation XXXIX. Metabolism of testosterone, androstenedione, progesterone and testosterone derivatives in *Absidia coerulea* culture. *The Journal of Steroid Biochemistry Molecular Biology* 57: 357–362.
- Chen G, Yang M, Lu Z, et al. 2007. Microbial transformation of 20(S)-protopanaxatriol-type saponins by *Absidia coerulea*. *Journal of Natural Products* 70: 1203–1206.
- Crows PW, Luangsa-Ard JJ, Wingfield MJ, et al. 2018. Fungal Planet description sheets: 785–867. *Persoonia* 41:1–180.



Two new species of the industrially relevant genus *Absidia* (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest

Table 2. Morphological characteristics of *Absidia* species from Neotropics plus *A. koreana*.

Species	Colony color	Whorls	Sporangiophores	Sporangia	Columellae	Projection	Sporangiospores
<i>A. anomala</i> ³	Gray to light violet.	Up to 2.	40–105 × 3–9 µm.	Pyriiform, 12–26 µm in diam.	Hemispherical, 6.5–20 µm in diam.	Up to 2 µm in length.	Cylindrical to somewhat constricted in the center to short oval, 3–4 × 2.2 µm.
<i>A. californica</i> ⁴	Light gray to grayish olive.	Not formed.	150–250 × 7–11 µm.	Globose to oval, 10–30 µm in diam.	Hemispherical, some hemielliptical, 14.5–26.5 µm in diam.	Up to 4.5 × 5.5 µm.	Globose, 3.5–4 µm in diam.
<i>A. cuneospora</i> ¹	Light gray to pearl gray.	Up to 3.	30–150 × 2–4 µm.	Globose, 13–32 µm in diam.	Hemispherical to nearly globose, 9–19.5 µm in diam.	Swollen at apex, 6–7 × 2.5–3 µm.	Lacrimoid to wedge-shaped, 4.5–6.5 µm in length.
<i>A. cylindrospora</i> ³	Pale olive-buff.	Up to 4.	36–300 × 2–7 µm.	Pyriiform, 10–35 µm diam.	Hemispherical, 8.5–26 µm diam.	Rounded and often bulbous, up to 4.5 µm in length.	Cylindrical to slightly broader at one end, 3.3–5.5 × 2.2–3.5 µm.
<i>A. caatinguensis</i> ⁵	Brownish gray.	Up to 6 (7).	40–150 × 2.5–5 µm.	Pyriiform 17.5–27.5 µm diam.	Mostly hemispherical, some subglobose, 10–20 µm diam.	Bulbous at distal end up to 5.75 × 2.5 µm.	Cylindrical, slightly constricted at the central portion, 5–7.5 × 2.5–3.7 µm.
<i>A. koreana</i> ⁶	Grayish with or smoky gray.	Up to 6.	3.84–4.6 µm in width, variable in length.	Globose to slightly elliptical, 19.33–23.64 × 21.06–26.3 µm.	Globose, 10.9–16.96 × 11.46–18.89 µm.	Not informed.	Short-cylindrical or cylindrical, 3.54–4.48 × 2.15–2.35 µm.
<i>A. multispora</i> sp. nov. ⁸	Brownish gray, turning dark gray.	Up to 2 (4).	Up to 270 × 5 µm.	Pyriiform and subglobose, up to 30 µm in diam.	Hemispherical, subglobose, or strawberry-shaped, 10–16 × 10–15 µm in diam.	Mostly conical, or elongated, needle-like, up to 5 × 2.5 µm.	Globose, subglobose 5–7.5 diam, ellipsoid, short cylindrical, broadly-ellipsoidal, irregular, 5–9.5 × 5–7.5 µm.
<i>A. pseudocylindrospora</i> ^{2,3}	Pale to dark olive-gray	Up to 5–7 (11).	45–172 × 3–6 µm.	Pyriiform, 15–35 µm in diam.	Globose to nearly hemispherical, 9–26 µm in diam.	Globose to hemispherical, up to 6 µm in length.	Cylindrical or nearly so, up to 3.5–5 × 2.4 µm.
<i>A. repens</i> ⁵	Light grayish olive to olive gray.	Not formed.	140–250 × 2.5–6 µm; short sporangiophores 12–78 × 2.2–4.5 µm.	Oval to elliptical, 15–36 × 7–15 µm, turning globose, 19–26.5 µm in diam.	Hemispherical, 5–25 µm in diam.	With a bulbous swelling at end, up to 9 µm in length.	Short oval to irregular oval, 2.8–5.5 × 2–3 µm, few globose up to 6.5 µm in diam.
<i>A. salaensis</i> sp. nov. ⁸	Grayish brown.	Up to 5 (6).	Up to 280 × 6 µm.	Pyriiform, 20–35 µm in diam.	Conical to subglobose and strawberry-shaped, 7–22 × 8.5–20 µm.	Elliptical, conical, or needle-shaped, up to 5 × 3.5 µm.	Cylindrical and elliptical, 5–7 × 2.5–3.5 µm, some slightly constricted in the center.
<i>A. spinosa</i> ³	Smoke gray to drab.	Up to 1–4 (8).	100–250 × 5–10.5 µm.	Pyriiform, up to 12–30 µm in diam.	Hemispherical, 8–21 µm in diam.	Cylindrical to rounded, up to 1.5–4.5 × 0.5–1 µm.	Short cylindrical with rounded ends, up to 5 × 5.5 µm.
<i>A. terrestris</i> ⁷	Grayish brown.	Not formed.	25–215 × 2.5–5 µm.	Pyriiform, 17.5–27.5 × 17.5–22.5 µm.	Globose, 5–7.5 µm diam.	Up to 5–7.5 µm.	Cylindrical, 4–5 × 2–4 µm.

¹ Orr & Plunkett (1959); ² Hesselstine & Ellis (1961); ³ Hesselstine & Ellis (1964); ⁴ Ellis & Hesselstine (1965); ⁵ Hesselstine & Ellis (1966); ⁶ Ariyawansa *et al.* (2015); ⁷ Crows *et al.* (2018); ⁸ This article.

Thalline Raffaella Leite Cordeiro, Thuong Thuong Thi Nguyen, Diogo Xavier Lima, *et al.*

- Dai T, Tegos GP, Burkatovskaya M, Castano AP, Hamblin MR. 2009. Chitosan acetate bandage as a topical antimicrobial dressing of infected burns. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 53: 393-400.
- Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9: 772. <http://dx.doi.org/10.1038/nmeth.2109>
- Ellis JJ, Hesselstine CW. 1965. The genus *Absidia*: globose-spored species. *Mycologia* 57: 222-235.
- Guindon S, Dufayard JF, Lefort V, Anisimova M, Hordijk W, Gascuel O. 2010. New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Systematic Biology* 59: 307-21.
- Guindon S, Gascuel O. 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology* 52: 696-704.
- Guiraud P, Bonnet JL, Boumendjel A, *et al.* 2008. Involvement of *Tetrahymena pyriformis* and selected fungi in the elimination of anthracene, and toxicity assessment of the biotransformation products. *Ecotoxicology Environmental Safety* 69: 296-305.
- Habibi Z, Yousefi M, Ghanian S, Mohammadi M, Ghasemi S. 2012. Biotransformation of progesterone by *Absidia griseola* var. *igachii* and *Rhizomucor pusillus*. *Steroids* 77: 1446-1449.
- Hall TA. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95-98.
- Hesselstine CW, Ellis JJ. 1961. Notes on Mucorales, especially *Absidia*. *Mycologia* 53: 406-426.
- Hesselstine CW, Ellis JJ. 1964. The genus *Absidia*: *Gongronella* and cylindrical-spored species of *Absidia*. *Mycologia* 56: 568-601.
- Hesselstine CW, Ellis JJ. 1966. Species of *Absidia* with ovoid sporangiospores I. *Mycologia* 58: 761-785.
- Hoffmann K, Discher S, Voigt K. 2007. Revision of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes): based on physiological, phylogenetic and morphological characters: thermotolerant *Absidia* spp. form a coherent group, the Mycocladiaceae fam nov. *Mycological Research* 111: 1169-1183.
- Hoffmann K, Walther G, Voigt K. 2009. *Mycocladus* vs. *Lichtheimia*: a correction (Lichtheimiaceae fam. nov., Mucorales, Mucoromycotina). *Mycological Research* 113: 275-278.
- Hoffmann K. 2010. Identification of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes): a comprehensive taxonomic revision. In: Gherbawy Y, Voigt K. (eds.) *Molecular identification of fungi*. Berlin, Springer. p. 439-460.
- Huszcza E, Gladysz JD. 2003. Transformations of testosterone and related steroids in *Absidia glauca* culture. *Journal of Basic Microbiology* 43: 113-120.
- Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD. 2019. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics* 20: 1160-1166.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33: 1870-1874.
- Li GJ, Hyde KD, Zhao RL, *et al.* 2016. Fungal diversity notes 253-366: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa. *Fungal Diversity* 78: 1-237.
- Maerz AJ, Paul MR. 1950. *A Dictionary of Color*. 2nd. edn. New York, McGraw-Hill Book Company.
- Muzzarelli RAA, Ilari P, Tarsi R, Dubini B, Xia W. 1994. Chitosan from *Absidia coerulea*. *Carbohydrate Polymers* 25: 45-50.
- Orr GF, Plunkett OA. 1959. A New Species of *Absidia* from California. *Mycologia* 51: 203-209.
- Rehner SA, Samuels GJ. 1995. Molecular systematics of the Hypocreales: a teleomorph gene phylogeny and the status of their anamorphs. *Canadian Journal of Botany* 73: 816-823.
- Ronquist F, Teslenko M, Mark PVD, *et al.* 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* 61: 539-542.
- Rungsardthong V, Wongvuttanakul N, Kongpien N, Chotiwaranon P. 2006. Application of fungal chitosan for clarification of apple juice. *Process Biochemistry* 41: 589-593.
- Silva-Júnior AP, Silva CIA. 2012. Plano de Manejo da RPPN. Reserva Natural Brejo. http://www.icmbio.gov.br/portal/images/stories/docs_planos_de_manejo/rppn_reserva_natural_brejo_pm.pdf.
- Smith KE, Latif S, Kirk DN, White KA. 1989. Microbial transformation of steroids IV. 6,7-dehydrogenation; a new class of fungal steroid transformation product. *Journal of Steroid Biochemistry* 33: 271-276.
- van Tieghem P. 1878. Troisième mémoire sur les Mucorinées. *Annales des Sciences Naturelles Botanique* 4: 312-399.
- Vilgalys R, Hester M. 1990. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology* 172: 4238-4246.
- Wanasinghe DN, Phukhamsakda C, Hyde KD, *et al.* 2018. Fungal diversity notes 709-839: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa with an emphasis on fungi on *Rosaceae*. *Fungal Diversity* 89: 1-236.
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ. (eds.) *PCR protocols: a guide to methods and applications*. San Diego, Academic Press. p. 315-322.
- Zhang TY, Yu Y, Zhu H, *et al.* 2018. *Absidia panacisoli* sp. nov., isolated from rhizosphere of *Panax notoginseng*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 68: 2468-2472.



APÊNDICE C: Cordeiro, T.R.L., da Silva, S.B.G., da Cruz, M.O., de Lima, C.L.F., Lima, D.X., Góes-Neto, A., Santiago, A.L.C.M.A. 2022. *Absidia pararepens* Jurjević, M. Kolařík & Hubka (Mucorales, Mucoromycota) was isolated for the first time in South America. *Nova Hedwigia*, 375-387.



Nova Hedwigia, Vol. 114 (2022), Issue 3-4, 375–387
Published online March 31, 2022; published in print May 2022

Article

***Absidia pararepens* Jurjević, M. Kolařík & Hubka (Mucorales, Mucoromycota) was isolated for the first time in South America**

**Thalline Rafaela Leite Cordeiro¹, Suzana Brito Gomes da Silva²,
Mateus Oliveira da Cruz³, Catarina Letícia Ferreira de Lima⁴,
Diogo Xavier Lima⁵, Aristóteles Góes-Neto⁶, Luiz Marcelo Ribeiro Tomé⁷,
André Luiz Cabral Monteiro de Azevedo Santiago^{8*}**

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, Pernambuco, Brazil; thalline.leite30@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-3430-5852>

² Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, Pernambuco, Brazil; suzana.brito@outlook.com.br, <https://orcid.org/0000-0002-7514-0994>

³ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, Pernambuco, Brazil; cruzmofungi@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-5082-0117>

⁴ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, Pernambuco, Brazil; catarina.lima@hotmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4882-5808>

⁵ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, Pernambuco, Brazil; diogo_xavier00@hotmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7951-8934>

⁶ Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, 31270-901, Minas Gerais, Brazil; arigoesneto@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-7692-6243>

⁷ Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, 31270-901, Minas Gerais, Brazil; lmrto@ufmg.br, <https://orcid.org/0000-0002-1477-5558>

⁸ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia. Universidade Federal de Pernambuco, 50670-420, Recife, Pernambuco, Brazil; andrelcabral@msn.com; <https://orcid.org/0000-0001-5174-5553>

* Corresponding author: andrelcabral@msn.com

With 3 figures and 1 table

Abstract: Two specimens of *Absidia pararepens* Jurjević, M. Kolařík & Hubka were isolated for the first time from the soil of Fazenda Brejo Reserve Nature, which is an upland forest fragment located in Pernambuco State, Brazil, South America. To date, this species has only been found in the states of New York, Maryland, New Jersey, and Ohio in the United States. In this manuscript, we describe and illustrate the morphology and distribution of the isolated specimens of *A. pararepens*. This study contributes to the knowledge of the geographical distribution of Mucorales.

Keywords: Mucoromycota; Mucoraceae; taxonomy; upland forest

Introduction

The order Mucorales comprises fungi commonly found in soil, fruits, stored grains, and herbivore dung (Spatafora et al. 2016). The majority of mucoralean species are actively involved in edaphic nutrient cycling and are responsible for the exchange of nitrogen and carbon in these substrates (Lima et al. 2018). Mucoralean fungi are R-strategists, pioneers in colonising substrates, as they invest energy in growth, reproduction, and dispersion, ensuring the propagation of the species (Richardson 2009, Voigt & Kirk 2014, Benny et al. 2016). According to Wijayawardene et al. (2020), approximately 270 species of this order are distributed among 14 families and 55 genera.

Absidia Tiegh., one of the 55 genera of the Mucorales (Wijayawardene et al. 2020), comprises of species that form sporangiophores isolated or in whorls that appear along or at the end of stolons (van Tieghem 1878, Benny et al. 2010). Apophysate sporangia are usually piriform with a deliquescent wall and bell-shaped apophyses (Benny 2001, Benny et al. 2010, Hoffmann 2010, Lima et al. 2020). Columellae may show, up to three apical projections, usually filiform, with or without a bulbous tip (van Tieghem 1878, Cordeiro et al. 2020, Lima et al. 2020). Sporangiospores are varied-shaped, globose, subglobose, cylindrical, short cylindrical, and elliptical (Schipper 1990, Hoffmann et al. 2007).

Absidia pararepens Jurjević, M. Kolařík & Hubka is morphologically characterised by forming sporangiophores hyaline to brown or dark brown, simple or branched, solitary or in pairs, and never grouped in whorls. In addition, it forms piriform sporangia, globose and hemispheric columellae, and globose, subglobose, and irregular sporangiospores. To date, this species has only been recorded in the United States, specifically in the states of New York (bathroom air and basement swabs), Maryland (bedroom air), New Jersey (from basement air and basement concrete floor), and Ohio (from hospital, air) (Crous et al. 2020), with no reports on it from the soil.

Knowledge of the geographical distribution of *Absidia* is still lacking. Although Cunninghamellaceae Naumov ex R.K. Benj., which comprises of *Absidia* plus five other genera (Wijayawardene et al. 2020) is considered cosmopolitan (Cannon & Kirk 2007, Voigt 2012), little is known about the distribution of many of its species, mainly because of the lack of studies on the diversity of mucoralean fungi (Voigt et al. 2021). In Brazil, only 12 species of this genus have been reported from the Caatinga, Cerrado, and Atlantic Forest domains (Cordeiro et al. 2020, Lima et al. 2020, Crous et al. 2021, de Lima et al. 2021, Leitão et al. 2021), but considering that high fungal diversity is expected in tropical re-

Absidia pararepens Jurjević, M. Kolařík & Hubka (Mucorales, Mucoromycota) was isolated 377

gions (Hawksworth & Lücking 2017), we believe that knowledge of fungi in this country, especially *Absidia*, is still insufficient.

During a survey of mucoralean fungi from soil, in fragments of an upland humid forest located in the semi-arid region of Brazil, two specimens of *Absidia* showing morphological features similar to those of *A. pararepens* were isolated. Phylogenetic analysis based on ITS and LSU ribosomal DNA markers confirmed the species identity, which is described for the first time in South America.

Materials and methods

Sample collection, isolation, and morphological identification of *Absidia pararepens*

Soil samples were collected in the Brejo Nature Reserve (09°00.418' S 036°46.898' W) located in Saloá municipality, Pernambuco State, Brazil (Fig. 1). The local average annual temperature is 20 °C, with the rainy season beginning in January/February and ending in September/October. The precipitation ranges from 0 to 50 mm in the driest months

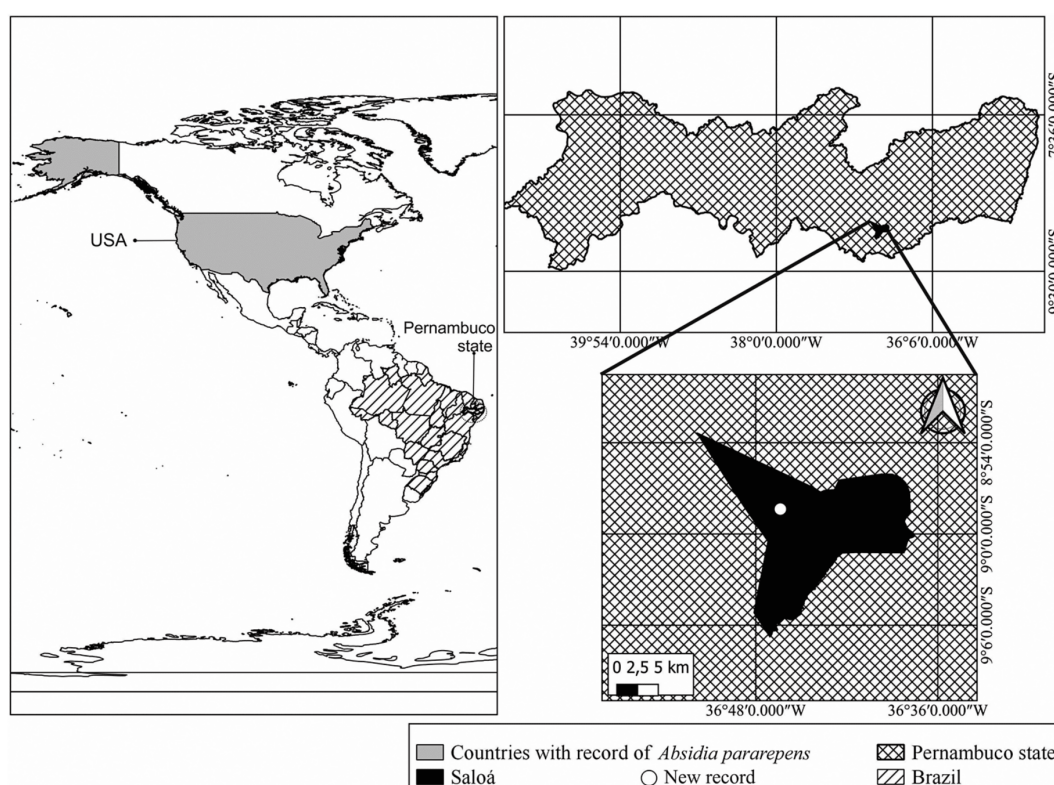


Fig 1. Geographical distribution of *Absidia pararepens* species and its first occurrence in South America, Brazil.

and from 50 to 100 mm in the wettest months. The vegetation is a predominant trait of the species of the Atlantic ombrophilous and semi-deciduous forests, being found in the herbaceous areas composed of litter, shrubby vegetation, grasses, and shrubs. The soil has a podzolic characteristic, with areas ranging from being clayey to containing granite blocks (Silva-Júnior & Silva 2012, Cordeiro et al. 2020).

Five milligrams of soil were inoculated directly into Petri dishes containing wheat germ agar culture medium (Benny 2008) plus chloramphenicol (NeoFenicol-Neo Química; 100 mg/L), in triplicate. Growth was observed for seven days at 28 °C under alternating light and dark conditions. To purify the specimens, fragments of mycelium were removed directly from the Petri dishes under a Leica EZ4 stereomicroscope and transferred to malt extract agar plates (MEA) (Benny 2008). Fragments of mycelia were transferred to slides with lactophenol blue and observed using light microscopy (Leica DM500). Each specimen was identified by comparing the macroscopic aspect (colony color and appearance) and microscopic structures (shape and size of the sporangiophores, columellae, sporangia, and sporangiospores), according to the description of Crous et al. (2020). Living cultures of *A. pararepens* (URM 8392 and URM 8393) were deposited in the Culture Collection Micoteca URM of the Universidade Federal de Pernambuco.

Molecular analysis (DNA extraction, amplification and sequencing)

Total DNA was extracted from the mycelium of the isolates grown in 2% MEA culture medium (2% Malt Extract, 2% Glucose and 2% Agar) using the ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit (Zymo Research, USA) according to the manufacturer's recommendations. After DNA extraction, genomic DNA was qualitatively evaluated using 1% agarose gel electrophoresis, and quantitatively by Nanodrop 1000ND spectrophotometer (Thermo Scientific, USA) and Qubit fluorometer (Invitrogen, USA). Polymerase chain reactions (PCRs) were carried out using the primers ITS4 (5'-TCC TCCGCTTATTGATATGC-3') and ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAG G-3') for ITS region (White et al. 1990), and LR0R (5'-ACCCGCTGA ACTTAAGC-3') and LR7 (5'-TACTACCAC-CAAGATCT-3') for LSU region (Vilgalys & Hester 1990). PCRs reaction were performed using the Taq DNA Polymerase quatroG (Quatro G biotecnologia, Brazil) in a final volume of 50 µl and contained 5 µl of buffer (10X), 2.5 µl of MgCl₂ (50 mM), 1 µl of dNTPs (10 mM), 1 µl of forward primer (10 pmol), 1 µl of reverse primer (10 pmol), 1 µl of DMSO, 1.5 µl of BSA (1 µg/µl), 10 µl of Betaine (5 M), 0.25 µl of Taq (5 U/µl), 23.75 µl of sterile water and 3 µl of DNA template. The PCR cycling parameters were 2 min at 94 °C; 35 cycles of 1 min at 94 °C, 1 min at 52 °C, and 1 min at 72 °C; and a final extension of 5 min at 72 °C. Amplicons were purified and sequenced by Psomagen®, New York, USA (<https://lims.psomagen.com>). Sequences data were compared with similar sequences available in the National Center for Biotechnology Information GenBank database using BLASTn. The newly obtained sequences were deposited in the GenBank database.

Sequence alignment and phylogenetic analyses

The phylogenetic relationship of *Absidia pararepens* and related species was determined by analysis of concatenated sequence datasets of two loci (ITS and LSU). Sequences were aligned using MAFFT v.7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server>) (Katoh et al. 2013, Katoh et al. 2019) and manually improved in MEGA v.7 (Kumar et al. 2016). The analysis of concatenated sequences datasets of two loci was performed in MEGA v.7. The maximum likelihood (ML) analysis was performed in RAxML-HP v.8.2.8 Black Box (Stamatakis 2014) using the GTR+G+I model test. The Bayesian Inference (BI) was performed in MrBayes v.3.2.2 (Ronquist et al. 2012) on XSEDE using the best nucleotide model (GTR+I+G) as estimated using the jModelTest v.2.1.10 software (Guindon & Gascuel 2003, Darriba et al. 2012). Bayesian Inference analysis was conducted with 1×10^6 generations, a burning value of 25%. Both analyses were conducted at the CIPRES Science Gateway (Miller et al. 2010). Phylogenetic trees were viewed and arranged using Interactive Tree of Life (iTOL) v4 (<https://itol.embl.de/>) (Letunic & Bork 2019). Values less than 0.90 BI posterior probability (BPP) and 70% ML bootstrap (ML-BS) are not shown. Sequence data were compared with those of similar sequences available in the National Center for Biotechnology Information GenBank database using BLASTn. The newly obtained sequences were deposited in the GenBank database: *A. pararepens* URM 8392: ITS (OK647958) and LSU (OK614930); URM 8393: ITS (OK647959) and LSU (OK614931) (Table 1).

Results

Phylogenetic analyses

The phylogenetic tree included 49 taxa using concatenated sequence datasets of two loci (ITS and LSU), including the two Brazilian specimens and the outgroup. The concatenated alignment consisted of 1752 characters with 845 and 970 characters (including alignment gaps) used in the ITS and LSU, respectively. Phylogenetic analysis obtained through Bayesian inference and maximum likelihood phylogenetically characterised the isolates within the *A. pararepens* specimen clade with high support values. The topology of the tree, as well as ML bootstrap values and Bayesian inference posterior probabilities (>70% and >0.90, respectively), are shown in Figure 2.

Molecular characterisation using the BLASTn database showed that the ITS sequences of the URM 8392 and URM 8393 strains had 99.06% similarity with *A. pararepens* (CCF 6356, MT193674), whereas the LSU sequences of the URM strains were 99.19% similar to *A. pararepens* (CCF 6351, MT192307).

Table 1. Voucher numbers of cultures collections and accession numbers of sequences used for the phylogenetic analysis. The sequences determined in the current study are indicated in bold. Ex-type strains are marked with “T”. The isolates and accession numbers determined in the current study are indicated in bold. CBS, Culture collection of the Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, The Netherlands; CCF, Culture Collection of Fungi, Faculty of Science, Charles University, Prague; CGMCC, China General Microbiological Culture Collection Center, Beijing, China; CNUFC, Chonnam National University Fungal Collection, Gwangju, South Korea; EML, Environmental Microbiology Laboratory (Fungarium, Chonnam National University, Gwangju, South Korea); FMR, Facultat de Medicina i Ciències de la Salut, Reus, Spain; FSU, Fungal Reference Centre, Jena, Germany; MFLU Herbarium, Mae Fah Luang University, Chiang Rai, Thailand; URM, Micoteca Culture Collection of Fungi, Recife, Brazil.

Species name	Voucher No.	Genbank Accession No.	
		ITS	LSU
<i>Absidia aguabelensis</i> J.D. Leitão, T.R.L. Cordeiro, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	⁹ URM 8213 ^T	MW763074	MW762874
<i>Absidia anomala</i> Hesselt. & J.J. Ellis	CBS 125.68 ^T	MH859085	NG_058562
<i>Absidia bonitoensis</i> C.L. Lima, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	URM 7889 ^T	MN977786	MN977805
<i>Absidia caatinguensis</i> D.X. Lima & A.L. Santiago	URM 7156 ^T	KT308169	NG_058582
<i>Absidia californica</i> J.J. Ellis & Hesselt.	CBS 314.78 ^T	MH861141	JN206582
<i>Absidia coerulea</i> Bainier	CBS 101.36	MH855718	MH867230
<i>Absidia cornuta</i> D.X. Lima, C.A. de Souza, H.B. Lee & A.L. Santiago	URM 6100 ^T	MN625256	MN625255
<i>Absidia cuneospora</i> G.F. Orr & Plunkett	CBS 101.59 ^T CBS 102.59	NR_159602 JN205819	NG_058559 JN206579
<i>Absidia cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i> Hagem	CBS 100.08	JN205822	JN206588
<i>Absidia edaphica</i> V.G. Hurdeal, E. Gentekaki, Hyang B. Lee & K.D. Hyde	MFLU 20-0416 ^T	MT396372	MT393987
<i>Absidia fusca</i> Linnem.	CBS 102.35 ^T	NR_103625	NG_058552
<i>Absidia glauca</i> Hagem	CBS 100.48 CBS 101.08 ^T	JN205820 NR_1116581	JN206581 NG058550
<i>Absidia globospora</i> T.K. Zong & X.Y. Liu	CGMCC 3.16031 ^T CGMCC 3.16035	MW671537 MW671538	MW671544 MW671545
<i>Absidia heterospora</i> Y. Ling	CBS 101.29 ^T	JN942683	JN982936
<i>Absidia jindoensis</i> Hyang B. Lee & T.T.T. Nguyen	CNUFC-PTI1-1 ^T	MF926622	MF926616
<i>Absidia koreana</i> Hyang B. Lee, Hye W. Lee & T.T. Nguyen	EML-IFS45-1 ^T EML-IFS45-2	KR030062 KR030063	KR030056 KR030057
<i>Absidia macrospora</i> Váňová	FSU4746	AY944882	EU736303
<i>Absidia medulla</i> T.K. Zong & X.Y. Liu	CGMCC 3.16034 ^T CGMCC 3.16037	MW671542 MW671543	MW671549 MW671550

Absidia pararepens Jurjević, M. Kolařík & Hubka (Mucorales, Mucoromycota) was isolated 381

Table 1. cont.

Species name	Voucher No.	Genbank Accession No.	
		ITS	LSU
<i>Absidia montepascoalii</i> L.W.S. Freitas, Hyang B. Lee, T.T.T. Nguyen, M.O. Cruz & A.L. Santiago	CNUFC B190023 ^T	MW473494	MW561560
<i>Absidia multisporea</i> T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	URM 8210 ^T	MN953780	MN953782
<i>Absidia ovalispora</i> Heng Zhao & X.Y. Liu	CGMCC 3.16018 ^T	MW264071	MW264130
	CGMCC 3.16019	MW264072	MW264131
<i>Absidia panacisoli</i> T. Yuan Zhang, Ying Yu, He Zhu, S.Z. Yang, T.M. Yang, Meng Y. Zhang & Yi X. Zhang	CBS 140959 ^T	MF522181	MF522180
<i>Absidia pararepens</i> Jurjević, M. Kolařík & Hubka	CCF 6351	MT193670	MT192307
	CCF 6352 ^T	MT193669	MT192308
	CCF 6354	MT193672	-
	CCF 6355	MT193673	-
	URM 8392	OK647958	OK614930
	URM 8393	OK647959	OK614931
<i>Absidia pernambucoensis</i> D.X. Lima, Souza-Motta & A.L. Santiago	URM 7219 ^T	MN635568	MN635569
<i>Absidia pseudocylindrospora</i> Hesselt. & J.J. Ellis	CBS 100.62 ^T	NR_145276	JN206591
<i>Absidia psychrophilia</i> Hesselt. & J.J. Ellis	FSU4745	AY944874	EU736306
<i>Absidia repens</i> Tiegh.	CBS 115583 ^T	NR_103624	NG_058551
<i>Absidia saloaensis</i> T.R.L. Cordeiro, D.X. Lima, Hyang B. Lee & A.L. Santiago	URM 8209 ^T	MN953781	MN953783
<i>Absidia soli</i> V.G. Hurdeal, E. Gentekaki, Hyang B. Lee & K.D. Hyde	MFLU 20-0413	MT396371	MT393985
	MFLU 20-0414 ^T	MT396373	MT393985
<i>Absidia stercoraria</i> Hyang B. Lee, H.S. Lee & T.T.T. Nguyen	EML-DG8-2	KU168829	KT921999
<i>Absidia terrestris</i> Rosas de Paz, Dania García, Guarro, Cano & Stchigel	FMR 14989 ^T	LT795003	LT795592
<i>Absidia turgida</i> T.K. Zong & X.Y. Liu	CGMCC 3.16032 ^T	MW671540	MW671547
<i>Absidia zonata</i> T.K. Zong & X.Y. Liu	CGMCC 3.16033 ^T	MW671541	MW671548
<i>Chlamydoabsidia padenii</i> Hesselt. & J.J. Ellis	CBS 172.67 ^T	JN206294	JN206586
<i>Cunninghamella blakesleeana</i> Lendn.	CBS 782.68	JN205869	JN206601
<i>Cunninghamella elegans</i> Lendn.	CBS 167.53	JN205882	HM849700
<i>Halteromyces radiatus</i> Shipton & Schipper	CBS 162.75 ^T	JN206290	NG_057938

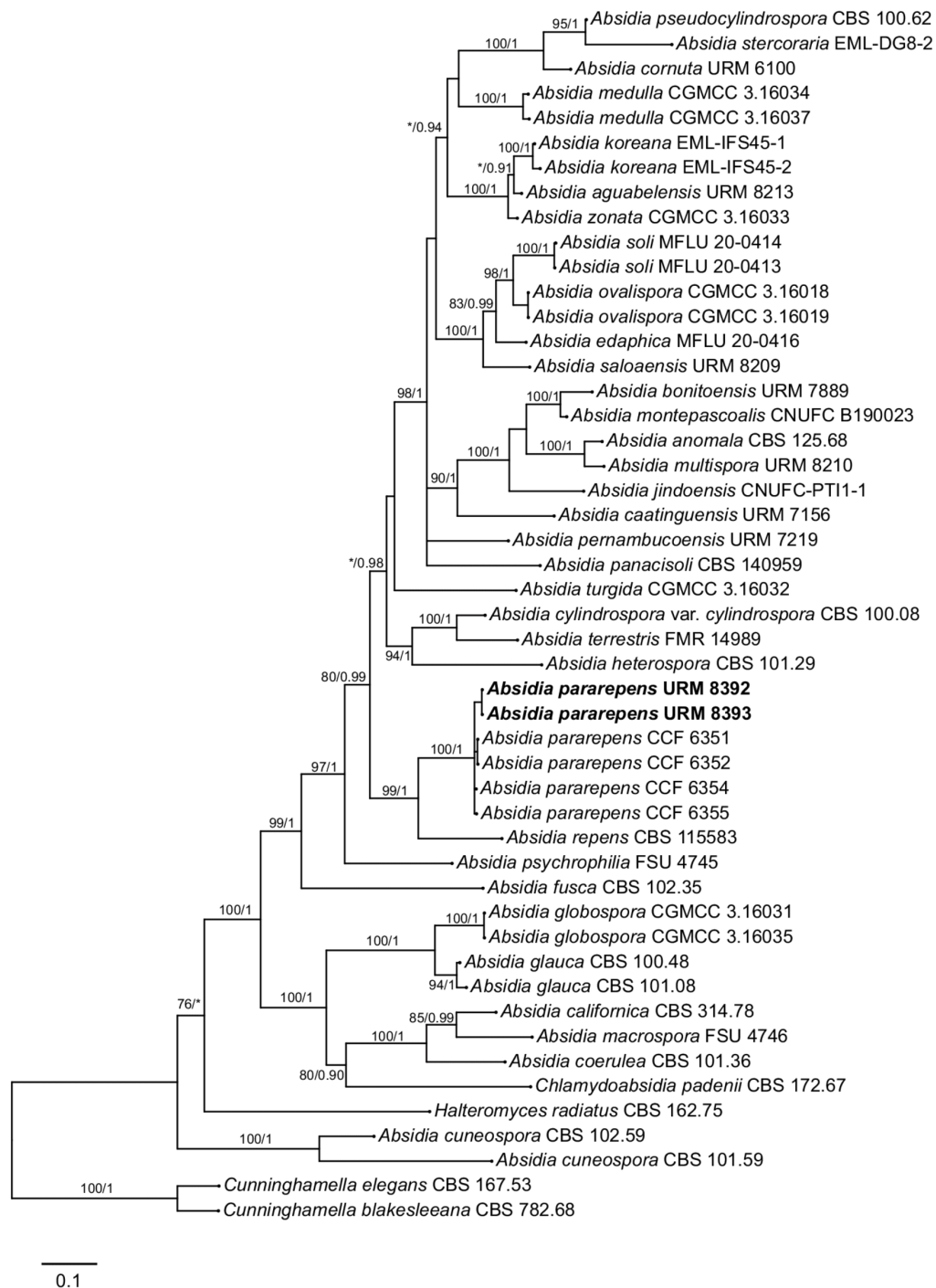


Fig 2. Phylogenetic tree of *Absidia pararepens* and related species constructed using analysis of combined internal transcriber spacer and large subunit of ribosomal DNA. Bootstrap values for Bayesian posterior probabilities over 0.9 and ML greater than or equal to 70% are placed above the branches. Bootstrap values lower than 0.9 and ML less than 70% are marked with “*”. The sequences obtained in this study are in bold. *Cunninghamamella elegans* and *Cunninghamamella blakesleeana* were used as an outgroup.

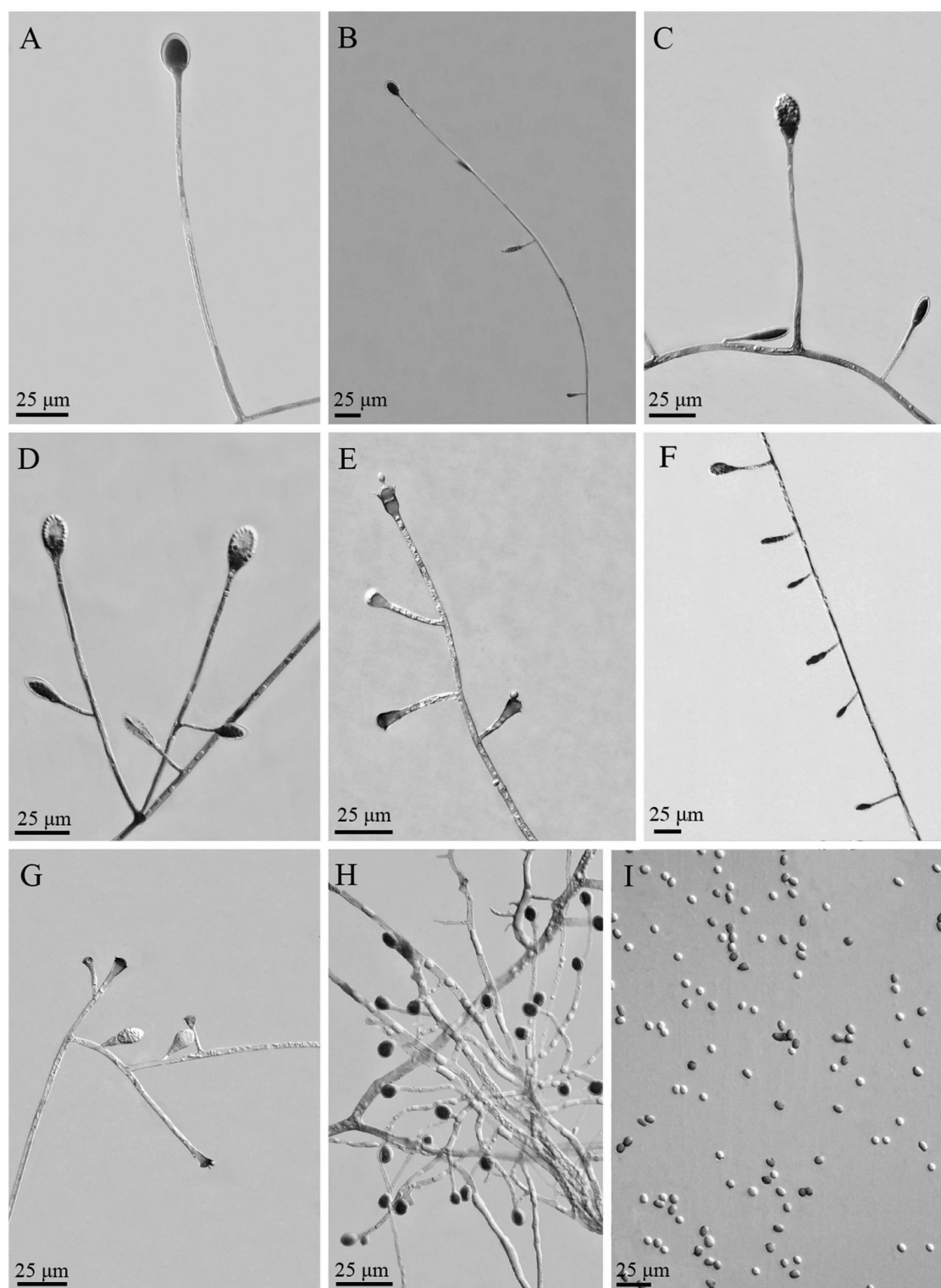


Fig 3. *Absidia pararepens*. A. Unbranched sporangioophore with sporangium. B. Stolon with sporangioophores ending in a terminal sporangium. C, F. Unbranched sporangioophore arising from a stolon. D, E, G. Branched sporangioophore. H. Chlamydospores. I. Sporangiospores.

Taxonomy

Absidia pararepens Jurjević, M. Kolařík & Hubka, in Crous et al., *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*. 44: 351. 2020. (Fig. 3).

Material examined: Brazil, Pernambuco, Saloá, Fazenda Brejo Nature Reserve (09°00.326' S 036°46.607' W) isolated from soil samples, 10 Nov 2018, T.R.L. Cordeiro (URM 8392); (09°00.384' S 036°46.960' W) isolated from soil samples, 19 Aug 2019, T.R.L. Cordeiro (URM 8393). GenBank accession numbers: URM 8392 (OK647958, OK614930), URM 8393 (OK647959, OK614931), sequences ITS and LSU, respectively.

Distribution: USA (New York, Maryland, New Jersey, and Ohio states) and Brazil (Pernambuco state).

Description: Colonies initially white, light brown, after 3 days, and greyish brown, after 5 days, powdery in aspect, exhibiting rapid growth (9 cm diam. and 1.5 cm height) after 5 days on MEA, at 25 °C, and reverse yellow to cloudy amber. Hyphae slightly browned, and a septum was observed close to the branching points. Rhizoids slightly branched, with some forming bulbs at the end. Sporangiophores hyaline, brownish near the sporangium, erect or curved, arising solitary or in pairs, distributed successively along the stolon, with a subsporangial septum, up to 7.5 µm in width, unbranched or sympodially branched (up to 4 times). Sporangia apophysate, brown, pyriform, or clavate, wall smooth and deliquescent, up to 25 × 12 µm; many abortive sporangia may be present in young colonies where new sporangiophores arise. Apophyses brownish, long, cup-shaped, rarely bell-shaped, 3–6 × 6–9 µm. Columellae brownish, hemispheric, wall slightly encrusted, (2.5–) 4.5–9.5 (–12) × (5–) 7.5–14.5 (–17) µm, with one thin or bulbous apical projection, 2.5–5 × 2.5–3 µm. Collar is always present. Sporangiospores slightly brown, globose or subglobose, up to 2.4–7.5 µm in diameter, elliptical, reniform and irregular, (2.5–) 4.8–7.2 (–8.5) × (2.5–) 3.5–5 µm, wall thick and smooth. Chlamydospores terminal and intercalary abundant. No zygospores were observed.

Discussion

The genus *Absidia* is composed of cosmopolitan fungal species commonly isolated from soil, herbivorous dung, and decaying substrates (van Tieghem 1878). Interestingly, *A. pararepens* has only been recorded in the United States of America, isolated from bathroom air, bedrooms, basements, hospital air, and basement concrete floors (Crous et al. 2020), with no information about the presence of this species in the soil. In this study, we report *A. pararepens* for the first time in South America, specifically from soil samples collected in an upland humid forest located in the semi-arid region of Brazil.

Our ITS/LSU phylogenetic tree showed that the two Brazilian specimens were identified as *A. pararepens*. This species is morphologically similar to *A. repens*, differing mainly by the size of sporangiophores that are longer [(50–) 140–250 (–450) × 2.5–6] in the latter, as well as by the sporangiospores that are shorter in *A. repens* [2.8–5.5 (–6.5 × 2–3 µm)] (Tieghem 1878, Hesseltine & Ellis 1966).

The morphological characteristics of *A. pararepens* URM 8392 and URM 8393 were similar to those of the holotype (Crous et al. 2020). However, the sporangiophores of both Brazilian isolates were slightly wider than those of the holotype, which were up to 6 µm in width, while our isolates presented sporangiophores up to 7.5 µm. Although the columellae found in both URM 8392, URM 8393, and the holotype were all hemispherical (Crous et al. 2020), there is a huge size discrepancy between Brazilian isolates [(2.5–) 4.5–9.5 (–12) × (5–) 7.5–14.5 (–17) µm], and the holotype species [(6–)12–17(–22) µm diameter]. This difference may be due to the different methodologies applied to measurement of structures, as we measured both columellae and apophyses as distinct structures, and perhaps the authors who described the holotype measured apophyses along with the columellae as a unique structure. Nevertheless, morphological variations can also be associated with the substrate and spatial location of the specimens.

Based on phylogenetic and morphological analyses, we report the first occurrence of *A. pararepens* in northeastern Brazil and the first report of this species as a soil saprobe, specifically isolated from a Brazilian upland humid forest, in the municipality of Saloá, Pernambuco, contributing to the knowledge of the geographical distribution of mucoralean fungi.

Acknowledgements

This manuscript was financed by the “Mucoromycotina diversity in the different ecosystems of the Atlantic Forest of Pernambuco” project (FACEPE – First Projects Program PPP/FACEPE/APQ – 0842-2.12/14). We also thank the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for the research grant awarded to André L. C. Santiago and the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) for the scholarship awarded to Thalline Rafaella Leite Cordeiro.

References

- Benny, G. L. (2008). The methods used by Dr. R.K. Benjamin, and other Mycologists to isolate Zygomycetes. *Aliso*, 26(1), 37–61. <https://doi.org/10.5642/aliso.20082601.08>
- Benny, G. L. (2010). Zygomycetes. Available from: <http://www.zygomycetes.org>
- Benny, G. L., Humber, R., & Morton, J. (2001). The Zygomycota: Zygomycetes. In D. J. McLaughlin, E. G. McLaughlin, & P. A. Lemke (Eds.), *The Mycota. Systematics and Evolution* (pp. 84–195). New York: Springer-Verlag.
- Benny, G. L., Smith, M. E., Kirk, P. M., Tretter, E. D., & White, M. M. (2016). Challenges and Future Perspectives in the Systematics of Kickxellomycotina, Mortierellomycotina, Mucoromycotina, and Zoopagomycotina. In D. W. Li (Ed.), *Biology of Microfungi. Fungal Biology* (pp. 65–126). Cham: Springer; https://doi.org/10.1007/978-3-319-29137-6_5
- Cannon, P. F., & Kirk, P. M. (2007). *Fungal families of the world*. CAB International. United Kingdom: Wallingford.
- Cordeiro, T. R. L., Nguyen, T. T., Lima, D. X., Silva, S. B., Lima, C. F., Leitão, J. D. A. A., . . . Santiago, A. L. C. M. A. (2020). Two new species of the industrially relevant genus *Absidia*

- (Mucorales) from soil of the Brazilian Atlantic Forest. *Acta Botanica Brasílica*, 34(3), 549–558. <https://doi.org/10.1590/0102-33062020abb0040>
- Crous, P. W., Cowan, D.A., Maggs-Kölling, G., Yilmaz, N., Thangavel, R. et al. (2021). Fungal Planet description sheets: 1182–1283. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 46, 313–528. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2021.46.11>
- Crous, P. W., Wingfield, M. J., Chooi, Y.-H., Gilchrist, C., Lacey, E. et al. (2020). Fungal Planet description sheets: 1042–1111. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 44, 301–459. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2020.44.11>
- Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., & Posada, D. (2012). jModelTest 2: More models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8), 772. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2109>
- Guindon, S., & Gascuel, O. (2003). A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology*, 52(5), 696–704. <https://doi.org/10.1080/10635150390235520>
- Hawksworth, D. L., & Lücking, R. (2017). Fungal diversity revisited 2.2 to 3.8 million species. *Microbiology Spectrum*, 5, FUNK-0052-2016. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.FUNK-0052-2016>
- Hesseltine, C. W., & Ellis, J. J. (1966). Species of *Absidia* with ovoid sporangiospores I. *Mycologia*, 58(5), 761–785. <https://doi.org/10.1080/00275514.1966.12018369>
- Hoffmann, K. (2010). Identification of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes): a comprehensive taxonomic revision. In Y. Gherbawy & K. Voigt (Eds.), *Molecular identification of fungi* (pp. 439–460). Berlin: Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-05042-8_19
- Hoffmann, K., Discher, S., & Voigt, K. (2007). Revision of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes) based on physiological, phylogenetic, and morphological characters thermotolerant *Absidia* spp. form a coherent group, Mycocladiaceae fam. nov. *Mycological Research*, 111(10), 1169–1183. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2007.07.002>
- Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4), 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Katoh, K., Rozewicki, J., & Yamada, K. D. (2019). MAFFT online service: Multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*, 20(4), 1160–1166. <https://doi.org/10.1093/bib/bbx108>
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Leitão, J. D., Cordeiro, T. R., Nguyen, T. T., Lee, H. B., Gurgel, L. M., & Santiago, A. L. C. M. de A. (2021). *Absidia aguabelensis* sp. nov.: A new mucoralean fungi isolated from a semiarid region in Brazil. *Phytotaxa*, 516(1), 83–91. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.516.1.6>
- Letunic, I., & Bork, P. (2019). Interactive Tree Of Life (iTOL) v4: recent updates and new developments. *Nucleic Acids Research*, 47, W256–W259. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz239>
- Lima, D. X., Cordeiro, T. R. L., de Souza, C. A. F., Santiago, A. L. C. M. A., & Souza-Motta, C. M. (2018). Diversity of basal fungal order Mucorales (Mucoromycota) in a remaining area of the Brazilian Atlantic rainforest. *Nova Hedwigia*, 107(3-4), 459–471. https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2018/0485
- Lima, D. X., Cordeiro, T. R., de Souza, C. A., de Oliveira, R. J., Lee, H. B., Souza-Motta, C. M., & Santiago, A. L. C. M. D. A. (2020). Morphological and molecular evidence for two new species of *Absidia* from Neotropic soil. *Phytotaxa*, 446(1), 61–71. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.446.1.8>
- Lima, C. L. F., Lima, D. X., Cordeiro, T. R. L., Lee, H. B., Nguyen, T. T. T., Gurgel, L. M. S., & Santiago, A. L. C. M. A. (2021). *Absidia bonitoensis* (Mucorales, Mucoromycota), a new spe-

- cies isolated from the soil of an upland Atlantic Forest in Northeastern Brazil. *Nova Hedwigia*, 112(1-2), 241–251. https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2021/0614
- Miller, M. A., Pfeiffer, W., & Schwartz, T. (2010). *Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees*. 2010 Gateway Computing Environments Workshop (GCE). New Orleans, 1–8. <https://doi.org/10.1109/GCE.2010.5676129>
- Richardson, M. (2009). The ecology of the Zygomycetes and its impact on environmental exposure. *Clinical Microbiology and Infection*, 15, 2–9. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2009.02972.x>
- Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., . . . Huelsenbeck, J. P. (2012). MrBayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3), 539–542. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>
- Schipper, M.A.A. (1990). Notes on Mucorales – I. Observations on *Absidia*. *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 14(2), 133–149.
- Silva-Júnior, A. P., & Silva, C. I. A. (2012). *Plano de Manejo da RPPN*. Reserva Natural Brejo. <https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/biodiversidade/unidade-de-conservacao/unidades-de-biomas/mata-atlantica/lista-de-ucs/rppn-reserva-natural-brejo>
- Spatafora, J. W., Chang, Y., Benny, G. L., Lazarus, K., Smith, M. E., Berbee, M. L., . . . Stajich, J. E. (2016). A phylum-level phylogenetic classification of zygomycete fungi based on genome-scale data. *Mycologia*, 108(5), 1028–1046. <https://doi.org/10.3852/16-042>
- Stamatakis, A. (2014). RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 30(9), 1312–1313. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>
- van Tieghem, P. (1878). Troisième mémoire sur les Mucorinées. *Annales des Sciences Naturelles Botanique*, 4, 312–399.
- Vilgalys, R., & Hester, M. (1990). Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology*, 172(8), 4238–4246. <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>
- Voigt, K. (2012). Zygomycota Moreau. In W. Frey (Ed.), *Syllabus of plant families. A. Engler's Syllabus der Pflanzenfamilien, Blue-green algae, Myxomycetes and Myxomycete-like organisms, Phytoparasitic protists, heterotrophic Heterokontobiota and Fungi* (pp. 130–156). Stuttgart: Borntraeger Science Publishers.
- Voigt, K., & Kirk, P. M. (2014). FUNGI | Classification of Zygomycetes: Reappraisal as Coherent Class Based on a Comparison between Traditional versus Molecular Systematics. In C. A. Batt & M. L. Tortorello (Eds.), *Encyclopedia of Food Microbiology* 2nd (pp. 54–67). London: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00136-1>
- Voigt, K., James, T. Y., Kirk, P. M., Santiago, A. L. C. M. de A., Waldman, B., Griffith, G. W., . . . Lee, H. B. (2021). Early-diverging fungal phyla: Taxonomy, species concept, ecology, distribution, anthropogenic impact, and novel phylogenetic proposals. *Fungal Diversity*, 109(1), 59–98. <https://doi.org/10.1007/s13225-021-00480-y>
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, & T. J. White (Eds.), *PCR protocols: a guide to methods and applications* (pp. 315–322). San Diego: Academic Press.
- Wijayawardene, N. N., Hyde, K. D., Al-Ani, L. K. T., Tedersoo, L., Haelewaters, D., Rajeshkumar, K. C., . . . Thines, M. (2020). Outline of Fungi and fungus-like taxa. *Mycosphere: Journal of Fungal Biology*, 11(1), 1060–1456. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/11/1/8>

Manuscript received: December 9, 2021

Manuscript accepted: February 5, 2022

Responsible editor: J. Błaszczowski