



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS BACHARELADO

JULIA RANDOW CAVALCANTI

**EXPLORANDO A CAVERNA VALE DA LUA E SUA COMPLEXA DIVERSIDADE
FÚNGICA**

Recife
2025

JULIA RANDOW CAVALCANTI

**EXPLORANDO A CAVERNA VALE DA LUA E SUA COMPLEXA DIVERSIDADE
FÚNGICA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Ciências Biológicas Bacharelado da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientador (a): Profa. Dra. Cristina Maria de Souza-Motta

Coorientador (a): Dra. Joenny Maria da Silveira de Lima Gaston

Recife

2025

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do programa de geração automática do SIB/UFPE

Cavalcanti, Julia Randow.

Explorando a caverna Vale da Lua e sua complexa diversidade fúngica /
Julia Randow Cavalcanti. - Recife, 2025.

58 p. : il., tab.

Orientador(a): Cristina Maria de Souza-Motta

Coorientador(a): Joenny Maria da Silveira de Lima Gaston

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal de
Pernambuco, Centro de Biociências, Ciências Biológicas - Bacharelado, 2025.

Inclui referências.

1. Micobiota. 2. Ecossistemas subterrâneos. 3. Ascomycota. 4. Penicillium. I.
Souza-Motta, Cristina Maria de . (Orientação). II. Lima Gaston, Joenny Maria da
Silveira de. (Coorientação). IV. Título.

570 CDD (22.ed.)

JULIA RANDOW CAVALCANTI

**EXPLORANDO A CAVERNA VALE DA LUA E SUA COMPLEXA DIVERSIDADE
FÚNGICA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Ciências Biológicas Bacharelado da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Ciências biológicas.

Aprovado em: 27/03/2025

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Cristina Maria de Souza-Motta (Orientadora)
Universidade Federal de Pernambuco

Ma. Vitória Cristina Santiago Alves (Examinador Interno)
Universidade Federal de Pernambuco

Ma. Jordane Pimentel Nóbrega (Examinador Interno)
Universidade Federal de Pernambuco

À minha mãe, que celebra as minhas conquistas mais do que eu mesma, e à minha avó, por acreditar nos meus sonhos.

AGRADECIMENTOS

À minha família, por sempre estarem ao meu lado, me incentivando mesmo de longe e sempre me acolherem com todo o amor nas voltas para casa, e à minha mãe, Carmen, por sempre ter lutado tanto para que eu realizasse os meus sonhos.

Ao meu amor, Lucas, por escolher dividir a vida comigo, por todo o companheirismo e compreensão e por estar ao meu lado durante todos os momentos.

À todos meus bichinhos, que foram essenciais como suporte emocional ao longo da graduação, Alemão, Peu, Lolla, Louie e Diana, sempre vou amar vocês.

Aos amigos que fiz em Recife, em especial, Roberta e Kallyne, minhas primeiras amigas da graduação e que compartilharam comigo a loucura que foi essa jornada, e pelas nossas videochamadas durante a pandemia.

Aos meus professores por terem me apresentado a biologia, e que tiveram papel fundamental na minha escolha de profissão.

Minha orientadora, Profa. Cristina, por ter me dado a oportunidade de primeira Iniciação Científica e ter acreditado no meu potencial, e minha coorientadora, Joenny, por ter me ensinado tanto e por ter madrugado comigo diversas vezes para a conclusão de relatórios e desse trabalho.

À todos do laboratório de Taxonomia e Biotecnologia de Fungos, pelas risadas e pelos cafezinhos. Obrigada por me fazerem sentir parte de vocês.

À Jordane e Vitória, por aguentarem todas as minhas dúvidas e terem aceitado fazer parte da minha banca.

Ao ICMBio e ao CNPq pelo apoio financeiro durante minha formação profissional.

À UFPE que me acolheu e foi minha casa durante 5 anos.

"Não importa o destino, o que importa é decidir embarcar."

— O condutor, O expresso polar.

RESUMO

O Bioma Amazônia, detentor de uma biodiversidade única e ameaçado por atividades antrópicas, abriga ecossistemas subterrâneos pouco explorados, como as cavernas ferruginosas da Floresta Nacional (FLONA) de Carajás. Este estudo teve como objetivo isolar e identificar as espécies fúngicas presentes no ar da caverna Vale da Lua, contribuindo para o conhecimento da microbiota cavernícola amazônica e auxiliando no subsídio de estratégias de conservação. Foram coletadas amostras em três pontos internos e um externo da caverna, utilizando o método de sedimentação em placas com meio Ágar Sabouraud. As colônias foram quantificadas, purificadas e analisadas por técnicas morfológicas e moleculares, por meio de sequenciamento das regiões ITS, β -tubulina (TUB2), calmodulina (CAL), fator de alongamento da tradução (TEF1), subunidade grande do rDNA (LSU) e RNA polimerase II (RPB2). Foram contabilizadas 196 Unidades Formadoras de Colônias (UFCs), com a maior abundância registrada no ponto externo (78 UFCs), diminuindo progressivamente em direção ao interior da caverna. Foram isoladas 30 espécies pertencentes a 15 gêneros, destacando-se *Penicillium* e *Cladosporium* (8 espécies cada), ambos presentes em todos os pontos amostrados. Outros gêneros, como *Aspergillus*, *Talaromyces*, *Trichoderma* e *Tritirachium* também foram isolados, incluindo espécies recentemente descritas, como *Penicillium lebrethii* e *P. reverso-vinaceum*. A predominância de Ascomycota (96,7% dos isolados) e a presença pontual de Basidiomycota seguem padrões globais, enquanto a distribuição espacial dos fungos sugere a influência do fluxo de ar externo na dispersão dos esporos. Os resultados destacam a caverna Vale da Lua como um hotspot de diversidade fúngica, com espécies adaptadas a condições oligotróficas e alta disponibilidade de ferro, que possuem relevância ecológica e biotecnológica, especialmente na produção de metabólitos secundários com potencial industrial e médico. Este estudo expande o conhecimento sobre a microbiota de cavernas na Amazônia, reforçando a necessidade de políticas de conservação para ambientes cavernícolas e ressaltando o potencial de novos estudos na área.

Palavras-chave: Microbiota; Ecossistemas subterrâneos; Ascomycota; *Penicillium*.

ABSTRACT

The Amazon Biome, home to unique biodiversity and threatened by anthropogenic activities, harbors underexplored subterranean ecosystems, such as the ferruginous caves of the Carajás National Forest (FLONA). This study aimed to isolate and identify fungal species present in the air of the Vale da Lua cave, contributing to the understanding of Amazonian cave mycobiota and supporting conservation strategies. Samples were collected from three internal points and one external point of the cave using the sedimentation plate method with Sabouraud Agar. Colonies were quantified, purified, and analyzed through morphological techniques and molecular sequencing of the ITS region, β -tubulin (TUB2), calmodulin (CAL), translation elongation factor (TEF1), large subunit rDNA (LSU), and RNA polymerase II (RPB2). A total of 196 Colony Forming Units (CFUs) were identified, with the highest abundance at the external point (78 CFUs), decreasing progressively toward the cave's interior. Thirty species belonging to 15 genera were isolated, notably *Penicillium* and *Cladosporium* (8 species each), both present in all sampled points. Other genera, such as *Aspergillus*, *Talaromyces*, *Trichoderma*, and *Tritirachium*, were also isolated, including recently described species like *Penicillium lebreitii* and *P. reverso-vinaceum*. The predominance of Ascomycota (96.7% of isolates) and the limited presence of Basidiomycota align with global patterns, while the spatial distribution of fungi suggests external airflow influences spore dispersal. The results highlight the Vale da Lua cave as a hotspot of fungal diversity, with species adapted to oligotrophic conditions and high iron availability, demonstrating ecological and biotechnological relevance, particularly in producing secondary metabolites with industrial and medical potential. This study expands knowledge on cave mycobiota in the Amazon, emphasizing the need for conservation policies for subterranean environments and underscoring opportunities for future research.

Keywords: Mycobiota; Subterranean ecosystems; Ascomycota; *Penicillium*.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 –	Número de UCs e percentual protegido no Bioma.	16
Figura 2 –	Fluxograma de impactos que afetam os sistemas cársticos e as cavernas.	20
Figura 3 –	Número de cavernas registradas por estado.	22
Figura 4 –	Número de publicações científicas por área de conhecimento da FLONA de Carajás.	23
Figura 5 –	Potencial biotecnológico de fungos isolados em cavernas.	29
Figura 6 –	Mapa da caverna Vale da Lua (N4WS-67), na Floresta Nacional (FLONA) de Carajás, no Pará, com locais de coleta das amostras.	33
Figura 7 –	Coleta dos fungos anemófilos da caverna Vale da Lua. Vista interna da entrada principal da caverna (A); Ponto externo (B); Ponto 1 (C); Ponto 2 (D); Ponto 3 (E).	34
Gráfico 1 –	Abundância dos gêneros fúngicos isolados do ar da caverna Vale da Lua, localizada na FLONA Carajás/PA.	38
Figura 8 –	Morfologia macroscópica dos fungos anemófilos isolados da caverna Vale da Lua, localizada na FLONA Carajás/PA. A- <i>Talaromyces diversus</i> ; B- <i>Pseudopithomyces</i> sp.1; C- <i>Penicillium meliponae</i> ; D- <i>Lasiodiplodia theobromae</i> ; E- <i>Fusarium oxysporum</i> ; F- <i>Curvularia</i> sp.1; G- <i>Cladosporium tenuissimum</i> ; H- <i>Neopestalotiopsis</i> sp.1; I- <i>Neoconiothyrium</i> sp.; J- <i>Blastobotrys malaysiensis</i> .	39
Figura 9 –	Árvore de máxima verossimilhança (ML) obtida utilizando sequências de ITS do rDNA de representantes do filo Ascomycota isolados do ar da caverna Vale da Lua - PA. Valores de suporte maiores que 70% são mostrados próximo de nós. Sequências de culturas tipos estão indicadas por T. Isolados obtidos neste estudo estão representados com o código VL. A espécie <i>Tritirachium cinnamomeum</i> (Basidiomycota) foi utilizada como grupo externo.	40

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Unidades formadoras de colônias (UFCs) dos fungos anemófilos da caverna Vale da Lua, PA, Brasil.	37
Tabela 2 – Riqueza das espécies de fungos anemófilos em um ponto externo e três pontos internos da caverna Vale da Lua, PA, Brasil. Onde (+) = presença e (-) = ausência.	41

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

CANIE	Cadastro Nacional de Informações Espeleológicas
CECAV	Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Cavernas
FLONA	Floresta Nacional
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
ICMBio	Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade
UC	Unidade de Conservação

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	15
2.1	BIOMA AMAZÔNIA	15
2.1.1	FLONA de Carajás	16
2.2	CAVERNAS	18
2.2.1	Cavernas brasileiras	21
2.3	FUNGOS	24
2.3.1	Fungos cavernícolas	27
2.3.2	Fungos em cavernas brasileiras	29
3	OBJETIVOS	32
3.1	OBJETIVO GERAL	32
3.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS	32
4	MATERIAIS E MÉTODOS	33
4.1	OBTENÇÃO DOS FUNGOS DO AR	33
4.1.1	Área de estudo	33
4.1.2	Coleta e isolamento	34
4.2	CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA	35
4.3	IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR	35
4.3.1	Obtenção do micélio e extração de rDNA	35
4.3.2	PCR e sequenciamento	35
4.3.3	Alinhamento das sequências e análises filogenéticas	36
5	RESULTADOS	37
6	DISCUSSÃO	43
7	CONCLUSÃO	48
	REFERÊNCIAS	49

1 INTRODUÇÃO

O Bioma Amazônia, que abrange cerca de 5% da superfície terrestre e 40% da América do Sul, é o maior bioma brasileiro, ocupando aproximadamente 5 milhões de km² em nove estados do país (ICMBio, 2024). Sua cobertura florestal é predominantemente composta por Florestas Ombrófilas Densas, sustentando uma biodiversidade única que inclui 40 mil espécies de plantas, 300 de mamíferos, 1,3 mil de aves e mais de 1,2 mil de fungos (ICMBio, 2016, 2025; FLORA E FUNGA DO BRASIL, 2025). Além disso, o bioma desempenha um papel crucial na regulação climática global, contribuindo para os ciclos de carbono e nitrogênio por meio da interação entre vegetação, solos e microrganismos (IBAM, 2015). No entanto, atividades antrópicas, como desmatamento, mineração e expansão agropecuária, têm levado à perda de áreas naturais e à liberação de gases de efeito estufa, comprometendo sua integridade ecológica (IPAM, 2007).

Dentre as áreas prioritárias para conservação na Amazônia, destaca-se a Floresta Nacional (FLONA) de Carajás, localizada no sudeste do Pará. Criada em 1998, essa Unidade de Conservação (UC) de uso sustentável abrange aproximadamente 400 mil hectares, conciliando atividades minerárias com a proteção de ecossistemas únicos, como as cavernas ferruginosas associadas a afloramentos de canga (ICMBio, 2017; BRASIL, 2025). Essas cavidades, além de abrigarem espécies endêmicas de flora e fauna (ICMBio, 2017), apresentam potencial para serem reconhecidas como *hotspots* de diversidade fúngica na Amazônia brasileira (NÓBREGA, 2024). Contudo, a região também possui o maior projeto de mineração do país, responsável pela extração de minério de ferro, ouro e cobre, atividades que geram impactos ecológicos capazes de afetar diretamente os ecossistemas cavernícolas (SILVA, 2013; ICMBio, 2024).

As cavernas, definidas como cavidades naturais formadas por processos geológicos como dissolução química ou erosão (BRASIL, 2008), são ambientes marcados por baixa luminosidade, estabilidade térmica e limitação de nutrientes (LOBO & BOGGIANI, 2013). No Brasil, estima-se a existência de mais de 310.000 cavernas, das quais apenas cerca de 28.000 foram catalogadas (CANIE, 2025). Apesar desse número expressivo, menos de 8.000 localizam-se em UC, expondo a maioria a riscos como poluição e turismo desregulado (CECAV, 2025). Esses ambientes não apenas fornecem importantes registros fossilíferos, mas também

abrigam uma biota com elevado grau de endemismo e baixa tolerância a fatores de estresse, como insetos, aracnídeos, morcegos e peixes, além de microrganismos, como fungos e bactérias (ICMBio, 2019; KOSZNIK-KWÁSNICKA et al., 2022).

Os fungos, organismos eucariontes e heterotróficos, desempenham um papel crucial na estruturação da comunidade cavernícola, atuando como decompositores, parasitas ou sapróbios oportunistas associados a substratos como solo, material vegetal, guano de morcegos e outros animais (TAYLOR et al., 2013; RAWAT et al., 2017). Sua capacidade de adaptação a diversas condições ambientais – como variações de temperatura, pH, umidade e disponibilidade de nutrientes – juntamente a estratégias reprodutivas diversificadas, permitem sua colonização em praticamente todos os ecossistemas, incluindo ambientes cavernícolas. Nesse ecossistema, os fungos são frequentemente isolados em substratos como sedimentos, matéria orgânica em decomposição, guano e ar (VANDERWOLF et al., 2013; JURADO et al., 2016; BAJPAI et al., 2019; CUNHA et al., 2020; PEREIRA et al., 2022; ALVES et al., 2022).

Estudos sobre a biodiversidade fúngica em cavernas apontam os filos Ascomycota, Basidiomycota e Mucoromycota como os mais frequentes, com gêneros como *Aspergillus* e *Penicillium* se destacando não apenas em número, mas também por seu potencial biotecnológico, com produção de metabólitos secundários de interesse industrial (BHUNJUN et al., 2024). Apesar disso, a microbiota cavernícola no Brasil permanece subdocumentada, com apenas 30 publicações concentradas em quatro biomas, sendo a Amazônia uma das regiões menos investigadas (PRAZERES et al., 2025).

Diante desse contexto, este estudo visa caracterizar a microbiota presente no ar da caverna Vale da Lua, contribuindo para o preenchimento das lacunas de pesquisa acerca da diversidade fúngica amazônica e fornecendo subsídios para estratégias de conservação e manejo espeleoturístico da região.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 BIOMA AMAZÔNIA

O Bioma Amazônia corresponde a cerca de 5% da superfície terrestre e 40% da América do Sul. Ele abrange nove países (Brasil, Paraguai, Bolívia, Peru, Equador, Colômbia, Venezuela, Guiana Francesa e Suriname) e nove estados brasileiros (Acre, Amapá, Amazonas, Pará, Rondônia, Roraima, Tocantins, Mato Grosso e Maranhão). Sendo o bioma mais extenso do Brasil, ocupa quase 50% do território nacional, com cerca de 5 milhões de km² (ICMBio, 2024). Sua cobertura florestal é predominantemente composta por Florestas Ombrófilas Densas (ICMBio, 2016), e abriga a maior rede hidrográfica do planeta, concentrando cerca de 20% das águas doces superficiais não congeladas do mundo (IBGE, 2023). A Amazônia desempenha um papel fundamental na regulação do clima global, por meio da interação entre vegetação, solos e rios, além de contribuir significativamente para a manutenção da umidade atmosférica através do processo de evapotranspiração da floresta (IBAM, 2015).

A Amazônia é detentora de uma extraordinária biodiversidade, abrigando aproximadamente 40 mil espécies de plantas, 300 espécies de mamíferos, 1,3 mil espécies de aves e 1,2 mil espécies de fungos (ICMBio, 2025; FLORA E FUNGA DO BRASIL, 2025). Essa riqueza biológica, associada à sua extensa abrangência, gênese, geomorfologia, condições de solo, influência hídrica e particularidades climáticas, juntamente com microrganismos como fungos e bactérias, contribui para o equilíbrio ecológico do bioma (IBAM, 2015). Além disso, a região amazônica é marcada por sua diversidade cultural, sendo lar de diversas comunidades, incluindo povos indígenas, que detêm um vasto conhecimento tradicional sobre o uso sustentável dos recursos naturais (IBGE, 2023).

No entanto, esse extenso e rico território vem perdendo sua área original devido a atividades antrópicas, como o desmatamento associado ao desenvolvimento econômico, social e político da região, a abertura de estradas, a expansão da agropecuária (com destaque para lavouras de soja e algodão), a pecuária extensiva, a mineração e a extração e exportação ilegal de madeira (IBAM, 2015). Em nível global, o desmatamento na Amazônia contribui para as mudanças climáticas, liberando grandes quantidades de gases de efeito estufa na atmosfera. Além disso,

provoca alterações ecossistêmicas, como a redução das chuvas e da evapotranspiração, a contaminação de cursos hídricos, a perda de biodiversidade e a degradação dos solos (IPAM, 2007).

A conservação da biodiversidade do bioma Amazônia tem ganhado crescente relevância no cenário internacional, com pressões de Organizações Não Governamentais (ONGs) e representantes governamentais para a implementação de políticas de proteção. De acordo com o Ministério do Meio Ambiente (2025), a Amazônia possui a maior extensão de UCs do país, cobrindo 28,98% de seu território. Em seguida, aparecem a Mata Atlântica, com 11,60%, e a Caatinga, com 9,56% de suas áreas protegidas por UCs (Figura 1).

Figura 1 – Número de UCs e percentual protegido no Bioma.



Fonte: CANIE (2025).

2.1.1 FLONA de Carajás

A Floresta Nacional (FLONA) de Carajás, situada no sudeste do Pará, destaca-se como uma das Unidades de Conservação mais importantes do Brasil. Criada em 1998 por meio de decreto federal, essa unidade abrange áreas dos municípios de Parauapebas, Canaã dos Carajás e Água Azul do Norte, totalizando aproximadamente 400 mil hectares (BRASIL, 2025). Inicialmente, a FLONA foi estabelecida com o propósito de regular a atividade minerária na região, mas, ao longo do tempo, passou a desempenhar um papel fundamental na conservação da biodiversidade, priorizando a exploração sustentável dos recursos naturais (ICMBio,

2017). Como uma Unidade de Conservação de uso sustentável, a FLONA de Carajás busca equilibrar a exploração mineral com a proteção ambiental, exigindo que as atividades empresariais contribuam para a conservação da biota e dos serviços ecossistêmicos, minimizando impactos negativos (BRASIL, 2000; ICMBio, 2024).

O relevo da região é marcado por formações acidentadas, com altitudes que chegam a 700 metros na Serra dos Carajás, e uma geologia diversificada, composta por granitos, basaltos, arenitos e jaspilitos (ICMBio, 2024). Essas características favorecem a existência de uma alta biodiversidade, com espécies endêmicas e ameaçadas de extinção distribuídas em cavernas, platôs e divisores de água (CAMPOS; CASTILHO, 2012; MOTA et al., 2015). A vegetação é composta por Floresta Ombrófila Aberta, Floresta Ombrófila Densa e Campos Rupestres Ferruginosos, este último associado a afloramentos de canga, que cobrem cerca de 5% da área da FLONA (RIZZINI, 1979; ICMBio, 2016). A canga, formada por fragmentos de ferro e outros minerais, abriga uma flora única, com um elevado número de espécies endêmicas, representando quase 10% das 7.071 espécies vegetais registradas no estado do Pará (PILÓ & AULER, 2009; SKIRYCH et al., 2014).

A fauna é igualmente diversa, com 146 espécies de mamíferos, incluindo o endêmico cuxiú (*Chiropotes utahickae*), e 575 espécies de aves, das quais oito são endêmicas, como o arapaçu-de-Carajás (*Xiphocolaptes carajensis*) e a araponga-da-amazônia (*Procnias alba wallacei*) (ICMBio, 2016). Além disso, essa região abriga o maior projeto de mineração do país, responsável pela extração diária de toneladas de minério de ferro, ouro, manganês, granito e cobre (BRASIL, 2025).

A região de Carajás é caracterizada pela presença de cavidades naturais subterrâneas ferruginosas que contêm uma das maiores reservas de minério de ferro do planeta (CARVALHO et al., 2014). Essa descoberta ocorreu em 1967, fruto de uma parceria entre a United States Steel e a Companhia Vale do Rio Doce (CVRD). Em 1977, a Vale assumiu o controle do empreendimento, com o apoio do governo brasileiro por meio do Programa Grande Carajás, que impulsionou a exploração mineral na região (SANTOS, 1986; ICMBio, 2016).

Embora a atividade minerária tenha contribuído para o desenvolvimento econômico da região, ela também gerou impactos ambientais significativos. Entre eles, destacam-se a supressão de áreas de canga e a degradação de ecossistemas cavernícolas (SILVA, 2014; ICMBio, 2024). O sudeste do Pará, onde a FLONA de Carajás está localizada, é uma das áreas mais afetadas pelo desmatamento e pela

degradação ambiental na Amazônia. Sete das dez unidades de conservação mais degradadas do estado estão nessa região, incluindo a própria FLONA de Carajás (AGÊNCIA BRASIL, 2024). A expansão desordenada da agropecuária e da mineração tem pressionado os ecossistemas locais, ameaçando a biodiversidade e os serviços ecossistêmicos (ICMBio, 2024). Diante dos desafios ambientais, foi implementado o Plano de Conservação Estratégico do Território de Carajás (PCE), que desempenha um papel crucial na manutenção da sociobiodiversidade local e dos ecossistemas únicos presentes nessa unidade de conservação (ICMBio, 2024).

2.2 CAVERNAS

Cavernas são cavidades naturais formadas no subsolo por processos geológicos, como dissolução química, erosão ou atividade vulcânica. Esses ambientes subterrâneos, também denominados hipógeos, variam desde pequenas fendas até extensos sistemas de galerias interconectadas, podendo alcançar quilômetros de extensão (ZAMPAULO, 2015). De acordo com o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio, 2019), caverna é definida como todo espaço subterrâneo acessível ao ser humano, independentemente de seu tamanho ou tipo de rocha, englobando em seu ambiente, água, solo, minerais, fauna e flora. Na legislação brasileira, o conceito legal de caverna é estabelecido pelo Decreto Federal nº 6.640/2008, que as define como cavidades naturais com ou sem entrada identificável, desde que formadas por processos naturais (BRASIL, 2008).

A maioria das cavernas é formada por dissolução química em rochas carbonáticas, como calcário e dolomito, que correspondem a aproximadamente 90% das cavernas conhecidas globalmente (AULER et al., 2001; PILÓ, 2011). Esse processo ocorre quando a água, acidificada pela reação com dióxido de carbono (CO_2), infiltra-se nas rochas e dissolve-as gradualmente, criando fendas que se expandem até formar cavidades (SOUZA et al., 2021). Além das rochas carbonáticas, outros tipos de rochas, como arenito, quartzito, granito e formações ferríferas, também podem originar cavernas, embora em menor proporção (ICMBio, 2019; PILÓ & AULER, 2019). As cavernas podem ser classificadas como cársticas (formadas por dissolução química) ou pseudo-cársticas (resultantes de processos como erosão costeira ou atividade vulcânica) (KOSZNIK-KWÁSNICKA et al., 2022).

Esses ambientes são marcados pela ausência de luz direta, condições estáveis de temperatura e umidade, e escassez de matéria orgânica, caracterizando-os como ecossistemas oligotróficos, com baixa disponibilidade de nutrientes. Essas condições influenciam diretamente a estrutura das comunidades subterrâneas (POULSON & WHITE, 1969; CULVER, 1982). A ausência de luz solar impede a fotossíntese, limitando a produção primária e tornando os ecossistemas cavernícolas altamente dependentes de fontes externas de energia. Nas zonas mais profundas, onde a luz é completamente ausente, a base da cadeia alimentar é sustentada por organismos quimioautotróficos, como bactérias que obtêm energia por meio da oxidação de compostos inorgânicos, como ferro ou enxofre (CULVER, 1982; HOWARTH, 1983). No entanto, a maior parte da matéria orgânica que sustenta esses ecossistemas é proveniente do ambiente externo, sendo transportada por fatores físicos, como vento, gravidade e infiltração de água, ou por agentes biológicos, como morcegos, que introduzem fezes (guano), carcaças e outros detritos orgânicos (ZHANG, ZHAO & CAI, 2018).

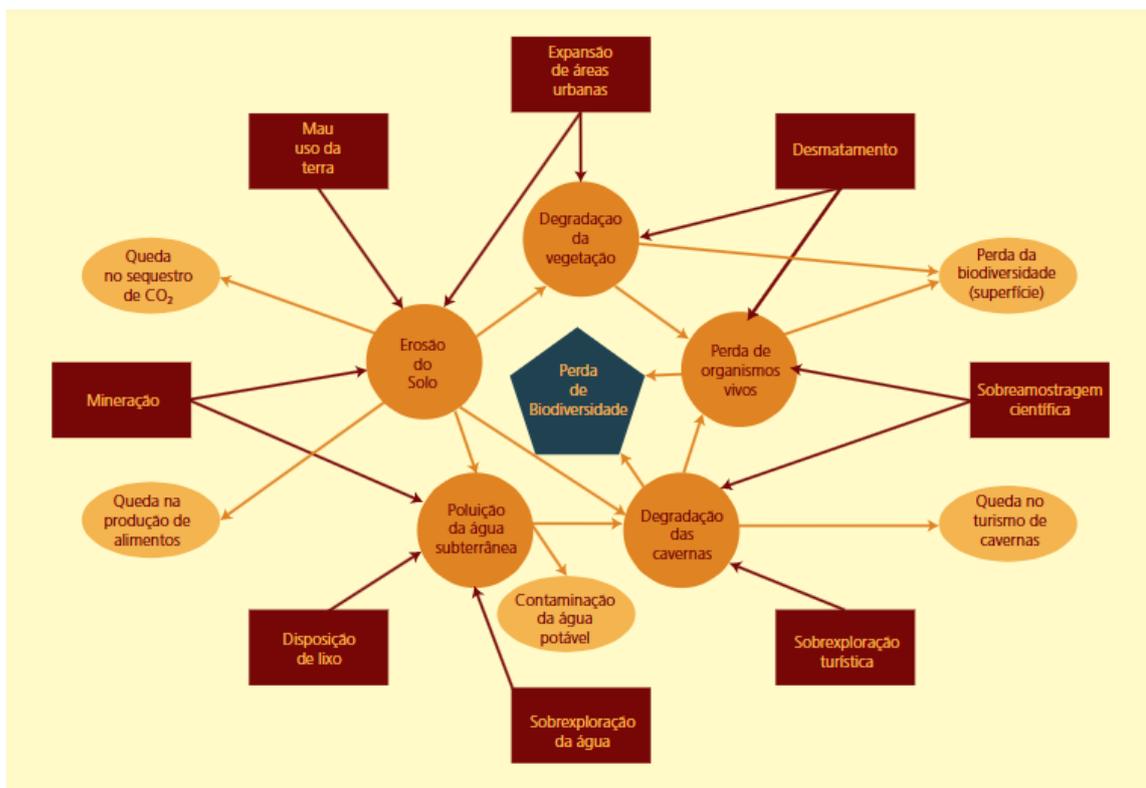
As cavernas podem ser divididas em zonas com base na intensidade de luz e influência do ambiente externo:

- **Zona de entrada:** área diretamente abaixo da entrada, com maior disponibilidade de luz e recursos alimentares, resultando em maior diversidade biológica. Nessa zona, é possível encontrar organismos fotossintetizantes e uma fauna mais diversificada (PROUS et al., 2004; MONTEIRO et al., 2019).
- **Zona de penumbra ou transição:** área com diminuição gradual da luz, onde a quantidade de organismos fotossintetizantes diminui (TRAJANO & BICHUETTE, 2006).
- **Zona afótica:** área com ausência de luz e condições ambientais estáveis (CULVER, 1982; HOWARTH, 1983).

As zonas de entrada das cavernas são regiões onde as variações ambientais são fortemente influenciadas pelo ambiente externo. Segundo Prous et al. (2004), essas áreas próximas às entradas apresentam gradientes de modificações estruturais, biológicas e físicas, criando uma zona de transição entre os sistemas epígeos (externo) e hipógeos (subterrâneo), sendo assim, podendo ser considerada um ecótono (PROUS et al., 2015). Dessa forma, alterações no habitat externo, como desmatamento ou poluição, podem afetar diretamente os ecossistemas cavernícolas,

uma vez que muitos organismos subterrâneos não são capazes de tolerar flutuações ambientais não naturais ou a eutrofização causada por poluentes (TRAJANO & BICHUETTE, 2006) (Figura 2).

Figura 2 – Fluxograma de impactos que afetam os sistemas cársticos e as cavernas.



Fonte: ICMBio (2019, p. 34).

Devido às suas condições ambientais específicas, as cavernas abrigam uma fauna composta por diversos organismos endêmicos. Esses organismos são classificados em três grupos principais:

- **Troglóbios:** espécies restritas ao ambiente subterrâneo, que podem apresentar adaptações morfológicas, fisiológicas e comportamentais, como perda de pigmentação e redução de órgãos visuais (HOLSINGER & CULVER, 1988; TRAJANO, 2002).
- **Troglófilos:** espécies adaptadas ao ambiente cavernícola, mas capazes de viver também no exterior (CULVER & PIPAN, 2009).
- **Trogló xenos:** espécies que utilizam cavernas temporariamente, como abrigo ou local de reprodução, mas dependem do ambiente externo para completar seu ciclo de vida (ZHANG et al., 2017).

As cavernas desempenham papéis ecológicos cruciais, especialmente aquelas que abrigam grandes populações de morcegos, conhecidas como "*bat caves*". A utilização desses abrigos é fundamental para a sobrevivência e sucesso reprodutivo dessas populações, pois oferecem locais ideais para acasalamento, criação de filhotes e interação social, entre outras vantagens (PIMENTEL & BERNARD, 2024). No ambiente externo ao das cavernas, os morcegos são responsáveis por serviços ecossistêmicos essenciais, como polinização, dispersão de sementes e controle de pragas, contribuindo para o equilíbrio dos ecossistemas (MEDELLIN et al., 2017). O guano depositado por esses mamíferos também serve como fonte de nutrientes para fungos e invertebrados, sustentando parte da cadeia alimentar cavernícola e enriquecendo a biodiversidade desses ambientes (PECK et al., 1998; OGÓREK, 2016).

O ambiente cavernícola também apresenta um papel importante em estudos paleoambientais, por exemplo, espeleotemas, como estalactites e estalagmites, armazenam informações sobre condições climáticas e vegetacionais do passado, registradas em suas bandas de crescimento (WHITE & CULVER, 2011; ICMBio, 2019). Esses depósitos químicos são alimentados pela água de infiltração, permitindo análises das mudanças ambientais ao longo do tempo, com destaque para o estudo das razões isotópicas de oxigênio e carbono (ICMBio, 2019). Dessa forma, as cavernas não apenas permitem reconstruir mudanças ambientais ao longo do tempo, mas também possibilitam previsões futuras sobre mudanças climáticas e ecológicas (ICMBio, 2019).

2.2.1 Cavernas brasileiras

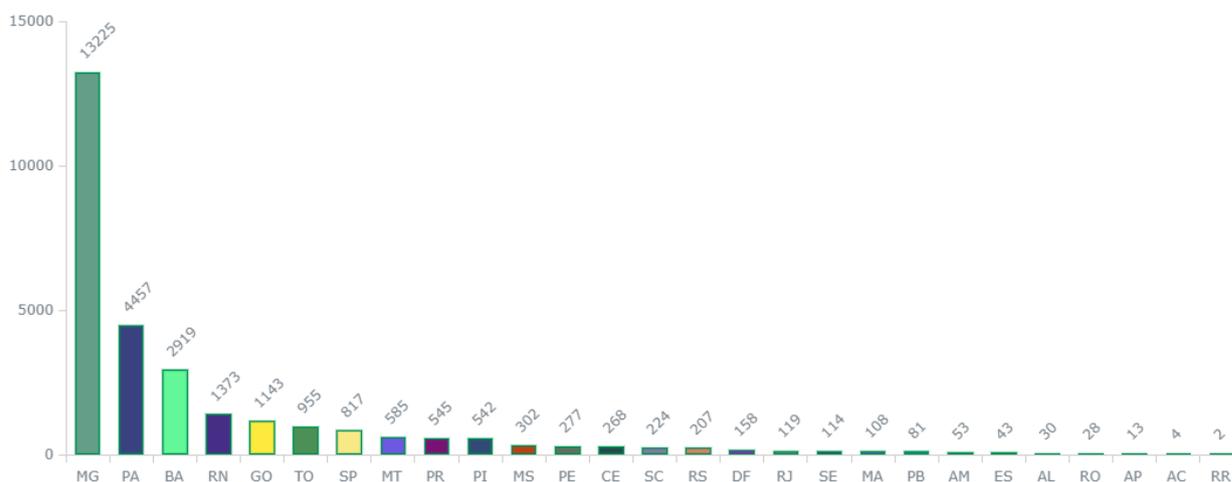
O Brasil abriga um vasto patrimônio espeleológico, com mais de 28.000 cavernas registradas no Cadastro Nacional de Informações Espeleológicas (CECAV, 2025). No entanto, estima-se que esse número represente apenas uma pequena fração do total de cavernas existentes no país, devido à carência de levantamentos sistemáticos e à complexidade geológica do território (PILÓ & AULER, 2019; CECAV, 2023).

As cavernas são classificadas de acordo com seu grau de relevância, com base em critérios como serviços biológicos, hidrológicos, paleontológicos, cênicos, ecológicos, geológicos, histórico-culturais e socioeconômicos (BRASIL, 2008;

BRASIL, 2009). Essa classificação reflete a importância multifuncional desses ambientes, que vão além de sua biodiversidade, incluindo a preservação de registros paleoclimáticos e arqueológicos (MONTEIRO et al., 2019). Regiões como Lagoa Santa (Minas Gerais), São Raimundo Nonato (Piauí), Médio São Francisco (de Januária a Montalvânia), Monte Alegre e Serra dos Carajás (Pará) são exemplos notáveis de sítios arqueológicos associados a cavernas, onde paredões e entradas foram utilizados como abrigos, moradias, locais de rituais, cemitérios e suportes para arte rupestre (ICMBio, 2019).

Minas Gerais é o estado com o maior número de cavernas conhecidas, totalizando 13.227 cavidades, seguido por Pará (4.457), Bahia (2.219) e Rio Grande do Norte (1.373) (CANIE, 2025) (Figura 3). Em termos de distribuição por biomas, o Cerrado concentra a maior parte das cavernas registradas, em contraste com a Amazônia, que apesar de ser o maior bioma em extensão, possui um número relativamente baixo de cavernas registradas, provavelmente devido à dificuldade de acesso e à predominância de rochas menos propícias à formação de cavernas (CECAV, 2023).

Figura 3 – Número de cavernas registradas por estado.



Fonte: CANIE (2025).

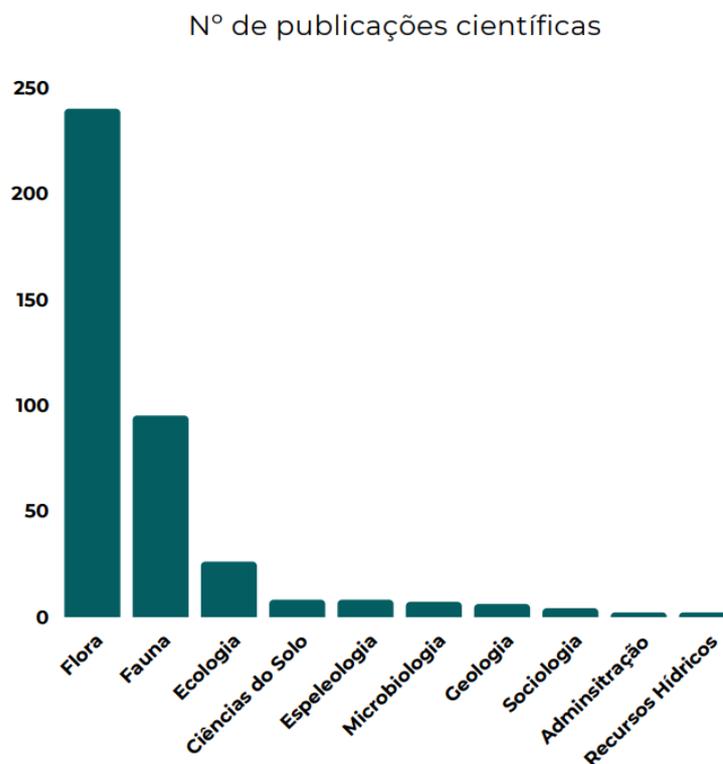
Mais da metade das cavernas brasileiras são formadas em rochas carbonáticas, seguidas por formações em rochas siliciclásticas e ferruginosas (CECAV, 2023). As cavernas ferruginosas, em particular, são formações únicas, originadas principalmente pela dissolução e erosão de rochas ricas em ferro, como itabiritos e cangas (AULER & PILÓ, 2005; PILÓ & AULER, 2009). Essas cavernas,

embora geralmente menores que as carbonáticas, são ecologicamente importantes devido à sua alta diversidade biológica, incluindo espécies raras, micro endêmicas e ameaçadas de extinção (FERREIRA et al., 2015). A região da Serra dos Carajás, localizada no Pará e no bioma Amazônia, é um dos principais locais de ocorrência de cavernas ferruginosas (PILÓ & AULER, 2009).

A criação de UCs é uma estratégia essencial para a proteção das cavernas. Segundo o levantamento da CANIE (2022), apenas 7.750 das cavernas registradas estão localizadas em UCs, sendo 56% (4.368) em unidades de uso sustentável e 44% (3.382) em unidades de proteção integral. A FLONA de Carajás é um exemplo significativo de UC, abrigando muitas cavernas ferruginosas que estão sob pressão devido à atividade mineradora que ocorre nessa região (ICMBio, 2017). A preservação desses habitats requer estratégias eficazes e sustentáveis que considerem tanto o ambiente subterrâneo quanto o entorno, protegendo-os das crescentes ameaças antrópicas (ICMBio, 2017).

De acordo com Prazeres et al. (2025), a espeleologia, e em particular a espeleomicologia, emerge como um campo de estudo crucial no Brasil, dada a vasta quantidade de cavernas e sua importância ecológica. Contudo, pesquisas sobre a microbiota em cavernas ainda são escassas (PRAZERES et al., 2025) (Figura 4). Em um levantamento, os autores identificaram apenas 30 publicações sobre o tema, concentradas em quatro dos seis biomas brasileiros: Cerrado (18 estudos), Caatinga (8), Amazônia (2) e Mata Atlântica (2).

Figura 4 – Número de publicações científicas por área de conhecimento da FLONA de Carajás.



Fonte: ICMBio (2024, p.23).

Essa lacuna evidencia a necessidade de mais investimentos em pesquisas para compreender a biodiversidade e os processos ecológicos associados a esses ambientes (PRAZERES et al., 2025).

2.3 FUNGOS

Os fungos são organismos eucariontes que se destacam por sua natureza heterotrófica e ausência de clorofila, possuindo uma parede celular rica em quitina e glucanas, com glicogênio como principal reserva energética (ALEXOPOULOS et al., 1996; FREE, 2013). Esses seres podem apresentar-se tanto na forma unicelular, como é o caso das leveduras, quanto na forma multicelular, organizando-se em estruturas filamentosas conhecidas como hifas, que se agrupam para formar micélios (WEBSTER & WEBER, 2007). Por não realizarem fotossíntese, dependem da matéria orgânica para obter energia, atuando como decompositores, simbiontes ou parasitas (KENDRICK, 2000; TORTORA, 2012). Além disso, embora a maioria dos fungos realizem respiração aeróbica, alguns são anaeróbios facultativos ou obrigatórios,

adaptando-se a ambientes com baixa disponibilidade de oxigênio (SOLOMON et al., 2019).

A reprodução fúngica é marcada por uma diversidade de estratégias. Eles podem se reproduzir de forma assexuada, por meio da produção de conídios, ou sexuada, com a formação de ascósporos, basidiósporos e zigósporos. Em certos casos, os fungos apresentam ambos os modos reprodutivos, sendo classificados como holomorfos (ALEXOPOULOS et al., 1996; FORTUNA, 2000). Além disso, alguns realizam ciclos parassexuais, que permitem a recombinação genética sem a necessidade de estruturas sexuais especializadas (OLIVEIRA, 2014). Essa flexibilidade reprodutiva é um dos fatores que contribuem para a ampla distribuição e sucesso ecológico desse grupo (KENDRICK, 2017).

No que diz respeito à classificação, o reino Fungi foi inicialmente dividido em quatro filos principais: Chytridiomycota (fungos aquáticos), Zygomycota (fungos zigospóricos), Ascomycota e Basidiomycota. Contudo, com o avanço da biologia molecular e das análises filogenéticas, descobriu-se que muitos desses grupos, especialmente os mais basais, eram polifiléticos e não representavam linhagens naturais (GARCÍA et al., 2012). Atualmente, o reino é composto por 19 filos, organizados com base em características morfológicas, reprodutivas e filogenéticas, incluindo Aphelidiomycota, Ascomycota, Basidiobolomycota, Basidiomycota, Blastocladiomycota, Calcarisporiellomycota, Caulochytriomycota, Chytridiomycota, Entomophthoromycota, Entorrhizomycota, Glomeromycota, Kickxellomycota, Monoblepharomycota, Mortierellomycota, Mucoromycota, Neocallimastigomycota, Olpidiomycota, Rozellomycota e Zoopagomycota (WIJAYAWARDENE et al., 2020).

Dentre esses filos, Ascomycota e Basidiomycota são os mais representativos, abrigando a maior parte das espécies conhecidas. O filo Ascomycota inclui fungos filamentosos, leveduras e espécies patogênicas, com destaque para gêneros como *Aspergillus*, *Penicillium*, *Candida*, *Histoplasma* e *Saccharomyces*. Esses gêneros possuem grande relevância biotecnológica, médica e industrial, sendo amplamente utilizados na produção de alimentos, bebidas, medicamentos e enzimas (DE ABREU et al., 2015; VANDERWOLF et al., 2013; PARAPOULI et al., 2020). Por outro lado, o filo Basidiomycota é composto principalmente por fungos macroscópicos, como cogumelos, e inclui espécies simbiotes (micorrizas) e sapróbias (COSTA, 2021). Gêneros como *Agaricus*, *Amanita* e *Boletus* são amplamente reconhecidos por sua

importância ecológica e econômica, sendo utilizados na alimentação e na medicina (EBLING et al., 2020; BISANÇÃO et al., 2022).

Apesar dos avanços na taxonomia, apenas cerca de 150.000 espécies de fungos foram descritas, embora estimativas sugiram que o número real possa chegar a 3,8 milhões (HYDE, 2022). Essa lacuna no conhecimento é particularmente evidente em regiões tropicais, que abrigam a maior diversidade fúngica, e em ambientes pouco explorados, como solos profundos e ecossistemas subterrâneos (PEAY et al., 2016; ABREGO, 2024).

Ecologicamente, os fungos desempenham funções vitais nos ecossistemas. Como decompositores, são responsáveis pela reciclagem de nutrientes, contribuindo significativamente para os ciclos de carbono e nitrogênio (KENDRICK, 2000; WEBSTER & WEBER, 2007). Além disso, estabelecem relações mutualísticas, como as micorrizas, que auxiliam na absorção de nutrientes pelas plantas, e os líquens, que colonizam ambientes inóspitos (COURTY et al., 2010; HONEGGER, 2012). Por outro lado, alguns fungos atuam como parasitas, causando doenças em plantas (fitopatogênicos), animais e humanos (micoses), gerando impactos negativos na agricultura e na saúde pública (VANDERWOLF et al., 2013; RAWAT et al., 2017). A sensibilidade dos fungos a fatores ambientais, como temperatura, umidade e disponibilidade de nutrientes, aliada à capacidade de responder rapidamente a alterações nos ecossistemas, os torna excelentes bioindicadores para monitorar impactos antrópicos e mudanças climáticas (HEILMANN-CLAUSEN et al., 2015; ABREGO, 2024).

Na indústria alimentícia, os fungos são essenciais na produção de queijos, pães, cervejas, vinhos e molhos fermentados, como o shoyu (KENDRICK, 2017; PARAPOULI et al., 2020). Na indústria farmacêutica, são fontes de antibióticos, imunossupressores e enzimas terapêuticas, com destaque para a penicilina, descoberta a partir do gênero *Penicillium* (PITT, 1994; FRISVAD et al., 2004). Na agricultura, fungos entomopatogênicos e antagonistas são empregados no controle biológico de pragas e doenças, reduzindo a dependência de agroquímicos (LAHLALI et al., 2022). Além disso, são utilizados em processos de biorremediação, ajudando a degradar poluentes e restaurar solos contaminados (TEIXEIRA et al., 2011). Os fungos possuem um expressivo valor econômico, com um mercado global estimado em 54,57 bilhões de dólares, abrangendo setores como alimentos, medicamentos, biomateriais e serviços ecossistêmicos (NIEGO, 2023).

Apesar de sua importância, os fungos são frequentemente negligenciados em políticas de conservação. Essa lacuna é agravada pela falta de conhecimento sobre sua diversidade, aplicações e pela escassez de estudos taxonômicos e ecológicos (PRAZERES et al., 2025). As mudanças climáticas representam uma ameaça adicional, uma vez que alterações na temperatura e na umidade, fatores críticos para o desenvolvimento fúngico, podem favorecer a esporulação de espécies patogênicas (ABREGO, 2024). A perda de habitats e a fragmentação de ecossistemas também contribuem para o declínio de espécies especializadas, impactando negativamente a biodiversidade e os serviços ecossistêmicos (HEILMANN-CLAUSEN et al., 2015).

2.3.1 Fungos cavernícolas

Os fungos desempenham um papel crucial nos ecossistemas de cavernas, atuando como agentes de decomposição da matéria orgânica, facilitadores da ciclagem de nutrientes e contribuintes para a formação de espeleotemas (NOVÁKOVÁ, 2009; GABRIEL & NORTHUP, 2013). Esses microrganismos ocupam uma variedade de nichos dentro das cavernas, como o ar, as rochas, os sedimentos, a água, o guano de morcegos e outros detritos orgânicos (NOVÁKOVÁ, 2009; JURADO & SÁIZ-JIMÉNEZ, 2016). A disseminação de esporos fúngicos ocorre principalmente por meio de correntes de ar, água, animais (incluindo morcegos e artrópodes) e pela atividade humana, fatores que influenciam diretamente a composição da comunidade microbiana desses ambientes (FERNÁNDEZ-CORTÉS et al., 2011; VANDERWOLF et al., 2013;).

A composição da microbiota em cavernas é caracterizada pela predominância de espécies dos filos Ascomycota (69,1%) e Basidiomycota (20%), com gêneros como *Aspergillus*, *Penicillium*, *Cladosporium*, *Fusarium* e *Trichoderma* sendo os mais comumente relatados (VANDERWOLF et al., 2013; ZHANG et al., 2021). Esses fungos exibem adaptações notáveis para sobreviver em condições extremas, como temperaturas baixas, umidade elevada e disponibilidade limitada de nutrientes, características típicas dos ambientes subterrâneos (BASTIAN et al., 2010).

Os morcegos desempenham um papel fundamental na ecologia das cavernas, fornecendo matéria orgânica por meio de seus excrementos (guano), que por ser rico em nitratos e outros nutrientes, sustenta uma comunidade microbiana diversificada, incluindo fungos saprófitos e patogênicos (VANDERWOLF et al., 2013; CARVALHO

et al., 2022). O estudo recente de Jurado et al. (2024), realizado em várias cavernas de gesso na Espanha, revelou que a presença de morcegos desempenha um papel crucial na diversidade fúngica. Em uma caverna que abrigava mais de 5.000 morcegos, foram identificados mais de 100 gêneros fúngicos, incluindo *Lecanicillium* e *Engyodontium*, que estão associados à decomposição do guano e às interações com artrópodes. Em contraste, a ausência de morcegos em outra caverna analisada resultou em uma comunidade fúngica significativamente menos diversa, dominada por espécies do gênero *Mortierella* (JURADO et al., 2024).

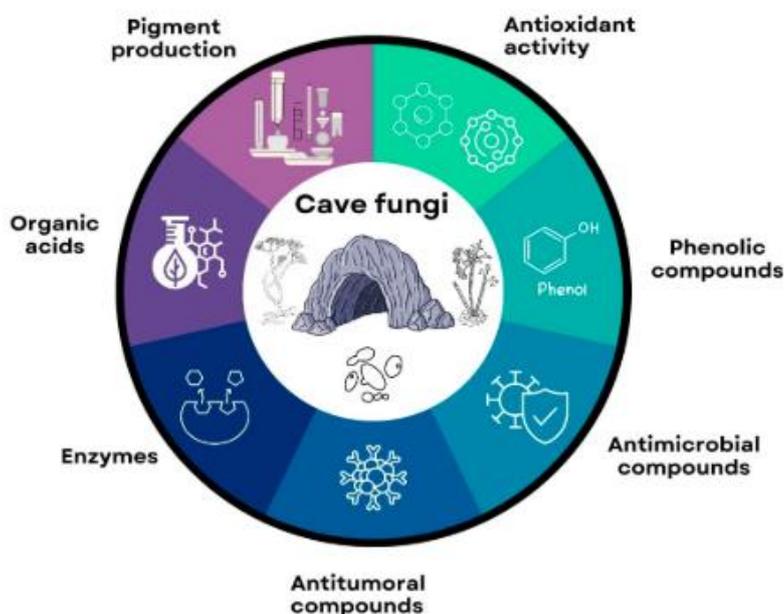
Inicialmente, as pesquisas em cavernas focavam na diversidade de fungos associados aos morcegos, especialmente após o surgimento da Síndrome do Nariz Branco (WNS), provocada pelo fungo *Pseudogymnoascus destructans*, que dizimou populações de morcegos na América do Norte (BLEHERT & GARGAS, 2016; MINNIS & LINDNER, 2019). Além disso, fungos como *Histoplasma capsulatum*, associados ao guano, representam riscos à saúde humana, causando doenças como a Histoplasmose, que é ocasionada pela inalação de esporos desse fungo presentes em grandes quantidades no ar (JURADO et al., 2010; SCULLY & BADDLEY, 2018).

A atividade humana em cavernas, seja por turismo ou pesquisa, pode impactar significativamente a microbiota local. Visitantes introduzem esporos fúngicos e matéria orgânica, além de alterar o microclima das cavernas, elevando a temperatura e a concentração de CO₂ (FERNÁNDEZ-CORTÉS et al., 2011; PORCA et al., 2011). Essas mudanças podem favorecer a proliferação de fungos oportunistas, que são capazes de causar doenças em humanos e animais (CABRAL, 2012). Um exemplo disso foi observado na Gruta de las Maravillas, na Espanha, onde a abertura para a visitação resultou em um aumento de 100 vezes na concentração de fungos em áreas próximas à entrada (DOMINGUEZ-MOÑINO, 2021).

As cavernas são reconhecidas como hotspots de diversidade fúngica, abrigando espécies adaptadas a condições extremas e capazes de produzir metabólitos secundários com aplicações biotecnológicas (Figura 5). Fungos cavernícolas têm sido investigados por seu potencial na biorremediação de metais pesados e na produção de compostos bioativos (RAWAT et al., 2017). Recentemente, a relação entre condições químicas e diversidade fúngica foi explorada por OGÓREK et al. (2024) em uma caverna na Eslováquia. O estudo identificou 17 espécies de fungos, com predominância do filo Ascomycota, e revelou que a disponibilidade de nitrogênio, fósforo e condições de pH neutro a ácido influenciam na composição da

microbiota cavernícola. Em contrapartida, a abundância fúngica diminuiu com o aumento das concentrações de magnésio e cálcio presentes (OGÓREK et al., 2024).

Figura 5 – Potencial biotecnológico de fungos isolados em cavernas.



Fonte: Barbosa et al. (2025).

2.3.2 Fungos em cavernas brasileiras

A pesquisa sobre fungos em cavernas brasileiras é um campo relativamente novo, com o primeiro registro documentado por Castrillón et al. (1976), que estudou o solo de uma gruta no bioma Amazônia, e identificou o dermatófito *Microsporium amazonicum* (atualmente *Arthroderma amazonicum*). Desde então, os estudos sobre a microbiota cavernícola no país têm avançado, destacando a importância desses organismos para a ecologia e a conservação desses ambientes (PRAZERES et al., 2025).

Um marco significativo nas pesquisas brasileiras foi a descrição da primeira espécie fúngica, *Geosmithia carolliae*, isolada de um morcego no Parque Nacional do Catimbau, em Pernambuco (CROUS et al., 2018). Desde essa descoberta, diversas outras novas espécies foram relatadas, como *Allophoma brasiliensis* e *Pyrenochaetopsis cecavi*, isoladas a partir de moscas ectoparasitas de morcegos na caverna Furna dos Morcegos (CARVALHO et al., 2022), além de espécies dos gêneros *Aspergillus* e *Penicillium* em cavernas da Caatinga e da Amazônia, o que

destaca a rica diversidade fúngica desses ecossistemas (ALVES et al., 2022; LIMA et al., 2024; PIMENTEL et al., 2024).

A diversidade de fungos em cavernas brasileiras varia conforme o bioma. Na Caatinga, por exemplo, estudos no Parque Nacional do Catimbau revelaram uma microbiota diversificada, com fungos isolados do ar, do corpo de morcegos e do guano, totalizando 59 táxons distribuídos em 37 gêneros (CUNHA et al., 2020). Em contraste, na Amazônia, as pesquisas são limitadas, com apenas dois estudos realizados em cavernas (PRAZERES et al., 2025).

Pesquisas, como a de Carvalho et al. (2022), analisaram a diversidade de fungos ectoparasitas de morcegos em uma caverna tropical da Caatinga, destacando gêneros como *Aspergillus* e *Cladosporium* como os mais abundantes. Além disso, estudos em cavernas do Nordeste brasileiro têm relatado fungos entomopatogênicos e leveduras isolados dos morcegos e seus ectoparasitas, evidenciando a complexidade das interações ecológicas nesses ambientes (CUNHA et al., 2020). Fungos de cavernas ferruginosas também têm sido objeto de investigação, devido ao seu potencial para biorremediação de metais pesados e à produção de compostos antimicrobianos. (RAWAT et al., 2017).

A biodiversidade fúngica subterrânea também se reflete na descoberta de novos táxons. Leão et al. (2024) descreveram *Amphichorda monjolensis* na Gruta Velha Nova (MG), enquanto Condé et al. (2023) reportaram o novo gênero *Parahumicola* em guano de morcegos na Serra do Espinhaço. Ambos os estudos utilizaram análises filogenéticas *multi-locus*, reforçando que a complexidade taxonômica desses ambientes está intrinsecamente ligada a interações bióticas, como a relação entre fungos, artrópodes e morcegos (LEÃO et al., 2024; CONDÉ et al., 2023).

Embora a FLONA de Carajás, possua o maior número de cavernas da região Norte, ainda há poucas pesquisas sobre sua microbiota. Nesse contexto, o estudo de Nóbrega et al. (2024) na Caverna Vale da Lua isolou 42 cepas de *Penicillium* do sedimento, das quais 18 representaram seis novas espécies, descritas por análises morfológicas e filogenéticas: *P. parauapebasense*, *P. carajasense*, *P. albineum*, *P. aureosclerotiorum*, *P. reverso-vinaceum* e *P. lebreitii*. Essa diversidade é notável, considerando que apenas nove registros de *Penicillium* da mesma seção foram feitos em cavernas ao redor do mundo, destacando a singularidade da microbiota amazônica. O estudo amplia para 109 o número de espécies da seção Lanata-

Divaricata, evidenciando a importância das pesquisas em cavernas brasileiras (NÓBREGA et al., 2024).

Estudos recentes ressaltam o papel ecológico e biotecnológico dos fungos em cavernas brasileiras, ainda pouco exploradas. Rigolin et al. (2024) mostraram que *Aspergillus ustus* e *Talaromyces brunneus*, isolados da Gruta do Catão (BA), biodegradam até 50% do pesticida *gamma-cyhalothrin*, destacando sua importância na ciclagem de poluentes em áreas agrícolas. Simultaneamente, Neves et al. (2025) identificaram fungos do grupo *Hypocreales* em cavernas do Cerrado com atividade moluscicida contra *Biomphalaria glabrata*, vetor da esquistossomose. Filtrados de *Purpureocillium chlamydosporia* e *Volutella aeria* induziram 100% de mortalidade em caramujos em 24 horas, sugerindo um papel no controle natural de populações de hospedeiros aquáticos.

A conservação das cavernas brasileiras é crucial para preservar sua biodiversidade única, incluindo espécies fúngicas endêmicas. No entanto, atividades humanas como mineração, turismo desregulado e desmatamento representam ameaças significativas à microbiota nativa. A introdução de espécies exógenas e a alteração do microclima das cavernas podem levar à perda irreversível de espécies ainda não descritas pela ciência (ALVES et al., 2022). Essas ações, podem ocasionar não só o desequilíbrio ecológico, mas também, a perda de organismos que possivelmente podem ter potenciais para uso biotecnológico de grande valia para a sociedade (BARBOSA et al., 2025).

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

Isolar e identificar as espécies fúngicas presentes no ar da caverna Vale da Lua, localizada na FLONA de Carajás - PA.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Isolar os fungos anemófilos cultiváveis na caverna Vale da Lua;
- Identificar as espécies fúngicas isoladas por meio de análises morfológicas e moleculares;
- Estimar a abundância e a riqueza de fungos isolados de amostras do ar coletadas na caverna Vale da Lua;
- Fornecer subsídios informativos para a elaboração de planos de manejo espeleoturísticos.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

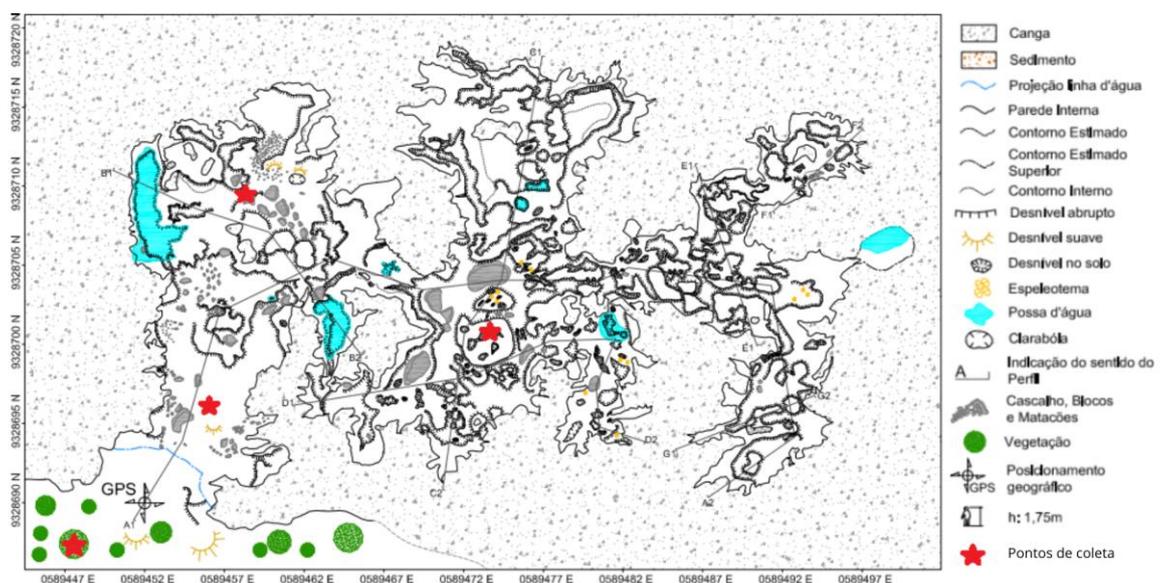
4.1 OBTENÇÃO DOS FUNGOS DO AR

4.1.1 Área de estudo

A caverna Vale da Lua (N4WS-67), localizada no município de Parauapebas, no estado do Pará, (latitude: -6,073103; longitude: -50,19203; altitude: 567 m), se encontra na Serra Norte da Floresta Nacional de Carajás, Unidade de Conservação Federal situada no bioma Amazônia e que abriga uma das maiores quantidades de cavernas do Brasil (VALE S.A, 2023). Com uma área total de 707,5m², a caverna Vale da Lua possui formação ferrífera, e apresenta poças d'água e espeleotemas em seu interior, e temperatura interna mais amena (21°C) se comparado ao meio externo (26°C) (ICMBio, 2016).

O acesso à caverna se dá por meio de uma estrada secundária a partir da estrada principal de acesso à mina do Manganês (NÓBREGA, 2024) e sua entrada principal está localizada no ponto mais baixo da caverna. A coleta das amostras foi realizada em 27 de junho de 2022, em três pontos no interior da caverna e um ponto exterior.

Figura 6 – Mapa da caverna Vale da Lua (N4WS-67), na Floresta Nacional (FLONA) de Carajás, no Pará, Brasil, com locais de coleta das amostras.



Fonte: CECAV (2022).

4.1.2 Coleta e isolamento

Para a coleta das amostras foi utilizado o método de sedimentação em placas. Três placas de Petri de 90mm de diâmetro, contendo 20mL do meio de cultura Ágar Sabouraud (SAB) com cloranfenicol (80 mg/L) (KING et al., 1979) foram abertas a 1m do chão, durante 20 minutos, em cada um dos quatro pontos amostrados (Figura 7). Após a exposição, as placas foram mantidas em refrigeração e posteriormente levadas ao Laboratório de Taxonomia e Biotecnologia Utilizando Fungos da UFPE para análises posteriores. Em laboratório, as placas foram incubadas a 25°C, por até 7 dias, no escuro.

Figura 7 – Coleta dos fungos anemófilos da caverna Vale da Lua. Vista interna da entrada principal da caverna (A); Ponto externo (B); Ponto 1 (C); Ponto 2 (D); Ponto 3 (E).



Fotos: Diego Bento (2022).

Após o crescimento das colônias, foi realizada a contagem das Unidades Formadoras de Colônias (UFCs) em cada placa, com a finalidade de estimar a abundância de fungos anemófilos da caverna, em seguida, as colônias foram purificadas e preservadas em tubos de 2ml, contendo uma solução de glicerol a 30% e solução salina e mantidas sob congelamento.

4.2 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA

Para a análise das características microscópicas, foram realizadas lâminas diretas das culturas purificadas, e posteriormente foram observadas as estruturas somáticas e reprodutivas dos fungos em microscopia óptica. Para as análises morfológicas macroscópicas das colônias, os isolados foram cultivados em meios de cultura específicos a depender do gênero, utilizando Ágar Extrato de Malte (MEA) para fungos dos gêneros *Aspergillus*, *Penicillium* e *Talaromyces*, realizando 3 pontos na placa de Petri, e o meio de cultura Batata Dextrose Ágar (BDA) para os demais gêneros, realizado em ponto central. Após crescimento, foram observados aspecto, superfície, presença ou ausência de exsudato, cores do anverso, reverso e diâmetro das colônias.

4.3 IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR

4.3.1 Obtenção do micélio e extração de rDNA

A biomassa dos isolados foi obtida a partir do cultivo em SAB contido em placas de Petri, mantidos a 25°C por até cinco dias, para obtenção do micélio jovem. Este micélio foi transferido para microtubos de 2 mL com tampa de rosca, acrescidos de quatro esferas de vidro com 3 mm de diâmetro e 600µL da solução Nuclei Lysis Solution do Kit de extração de DNA genômico da Promega (Wizard Genomic DNA Purification Kit) para melhor maceração das células fúngicas, utilizando o equipamento L-Beader 6 (Loccus) e os passos seguintes foram realizados de acordo com o protocolo do fabricante do Kit.

4.3.2 PCR e sequenciamento

As amplificações de fragmentos do DNA foram realizadas no Laboratório de Biologia Molecular da Micoteca URM do Departamento de Micologia da UFPE. Para a amplificação dos marcadores específicos do DNA foram utilizados os primers ITS1 e ITS4 (WHITE et al., 1990) para regiões espaçadoras transcritas internas e interveniente 5.8S rRNA (ITS), Bt2a e Bt2b (GLASS & DONALDSON, 1995) para β -tubulina (TUB2), CMD5 e CMD6 (HONG et al. 2006) para calmodulina (CAL), EF-728F

e EF-986R (CARBONE & KOHN, 1999) para fator de alongamento da tradução (TEF1), LR0R e LR5 (VILGALYS & HESTER 1990) para subunidade grande (LSU) e rpb2-5F2 e frpb2-7cR (LIU et al. 1999, SUNG et al. 2007) para RNA segunda maior subunidade da polimerase II (RPB2), a depender do gênero, conforme literatura especializada. As condições de PCR foram realizadas de acordo com Bezerra et al. (2017).

Os produtos obtidos da amplificação foram então submetidos a eletroforese em gel de agarose a 1%, conduzida a 100 V, 500 mA durante 20 minutos, e em seguida, as amostras foram purificadas com utilização da enzima Exonuclease/Fosfatase Alcalina (Cellco Biotec, Brasil) conforme orientações do fabricante, e sequenciados na Plataforma Multiusuária de Sequenciamento de DNA do Departamento de Genética da UFPE com os mesmos primers utilizados durante a amplificação (PCR).

4.3.3 Alinhamento das sequências e análises filogenéticas

As sequências de nucleotídeos das amostras foram editadas no programa BioEdit e as sequências consensuais foram comparadas no banco de dados do GenBank – NCBI utilizando a ferramenta BLASTn. Em seguida, as sequências obtidas foram adicionadas ao conjunto de sequências de espécies similares obtidas no Genbank e alinhadas usando a ferramenta online MAFFT v.7 (KATOY et al. 2013) e editadas manualmente usando MEGA v.7 (KUMAR et al. 2016). Os alinhamentos foram analisados através da análise de máxima verossimilhança (ML) usando RAXML-HPC BlackBox v. 8.2.12 (STAMATAKIS et al. 2014) na plataforma CIPRES Science Gateway (MILLER et al., 2010). O modelo de nucleotídeo GTR+I +G foi usado para todas as análises de ML. As árvores filogenéticas geradas foram visualizadas no software FigTree (RAMBAUT, 2010). Valores $\geq 70\%$ de suporte de bootstrap ML foram mostrados perto de nós.

5 RESULTADOS

A abundância dos fungos anemófilos da caverna Vale da Lua foi determinada com base no número de Unidades Formadoras de Colônias (UFCs) em cada ponto coletado (Tabela 1).

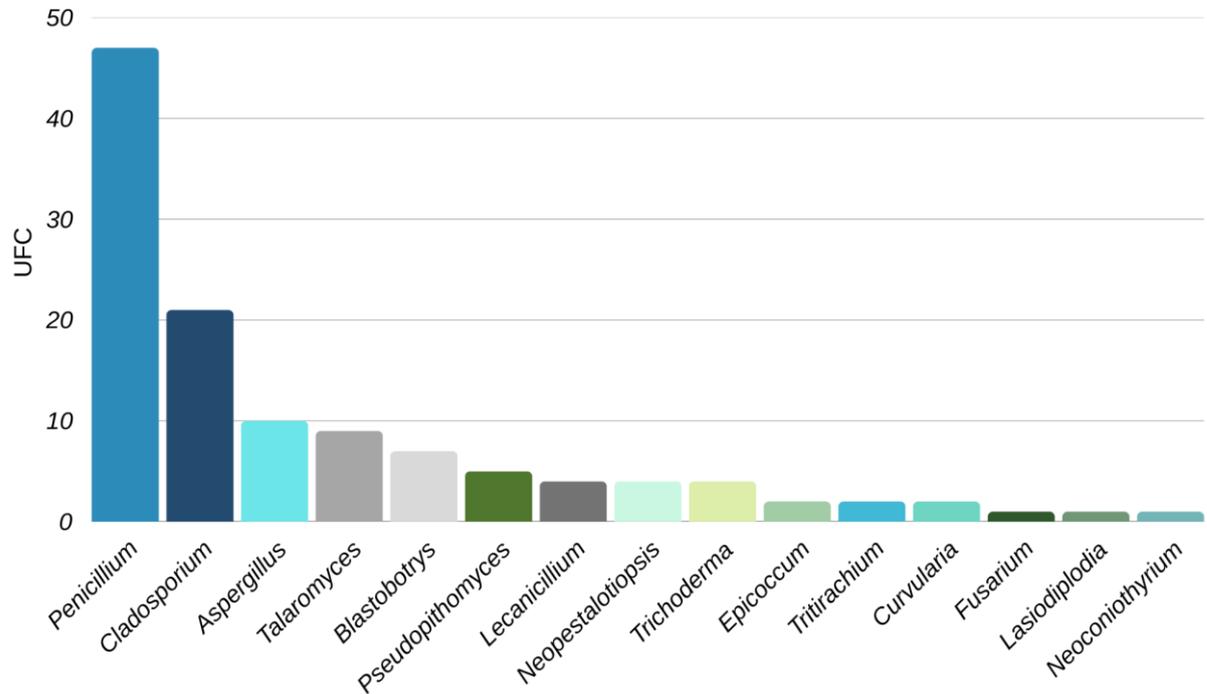
Tabela 1 – Unidades formadoras de colônias (UFCs) dos fungos anemófilos da caverna Vale da Lua, PA, Brasil.

	Ponto externo	Ponto 1	Ponto 2	Ponto 3
Placa 1	17	22	27	8
Placa 2	42	15	3	14
Placa 3	19	20	8	1
TOTAL	78	57	38	23

Fonte: A autora (2025).

Foram contabilizadas um total de 196 UFCs, com o ponto externo registrando a maior abundância, com 78 UFCs. Em seguida, o ponto 1, localizado próximo à entrada da caverna, apresentou 57 UFCs, seguido pelo ponto 2, com 38 UFCs. Por último, o ponto 3, mais internamente na caverna, obteve o menor número, com apenas 23 UFCs. Os gêneros mais abundantes encontrados foram *Penicillium* (47 UFCs), *Cladosporium* (21 UFCs) e *Aspergillus* (10 UFCs), respectivamente (Gráfico 1).

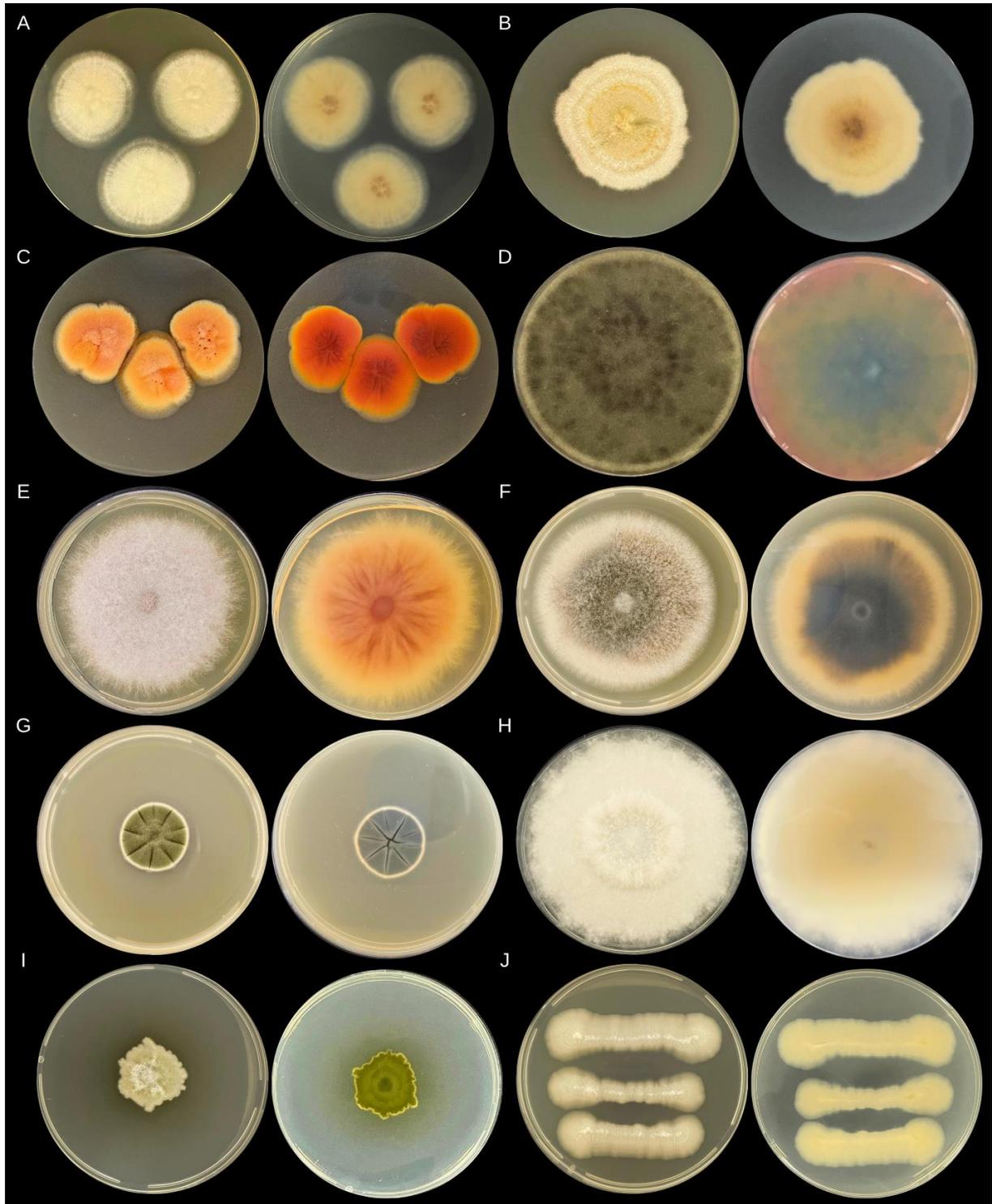
Gráfico 1 – Abundância dos gêneros fúngicos isolados do ar da caverna Vale da Lua, localizada na FLONA Carajás/PA.



Fonte: A autora (2025).

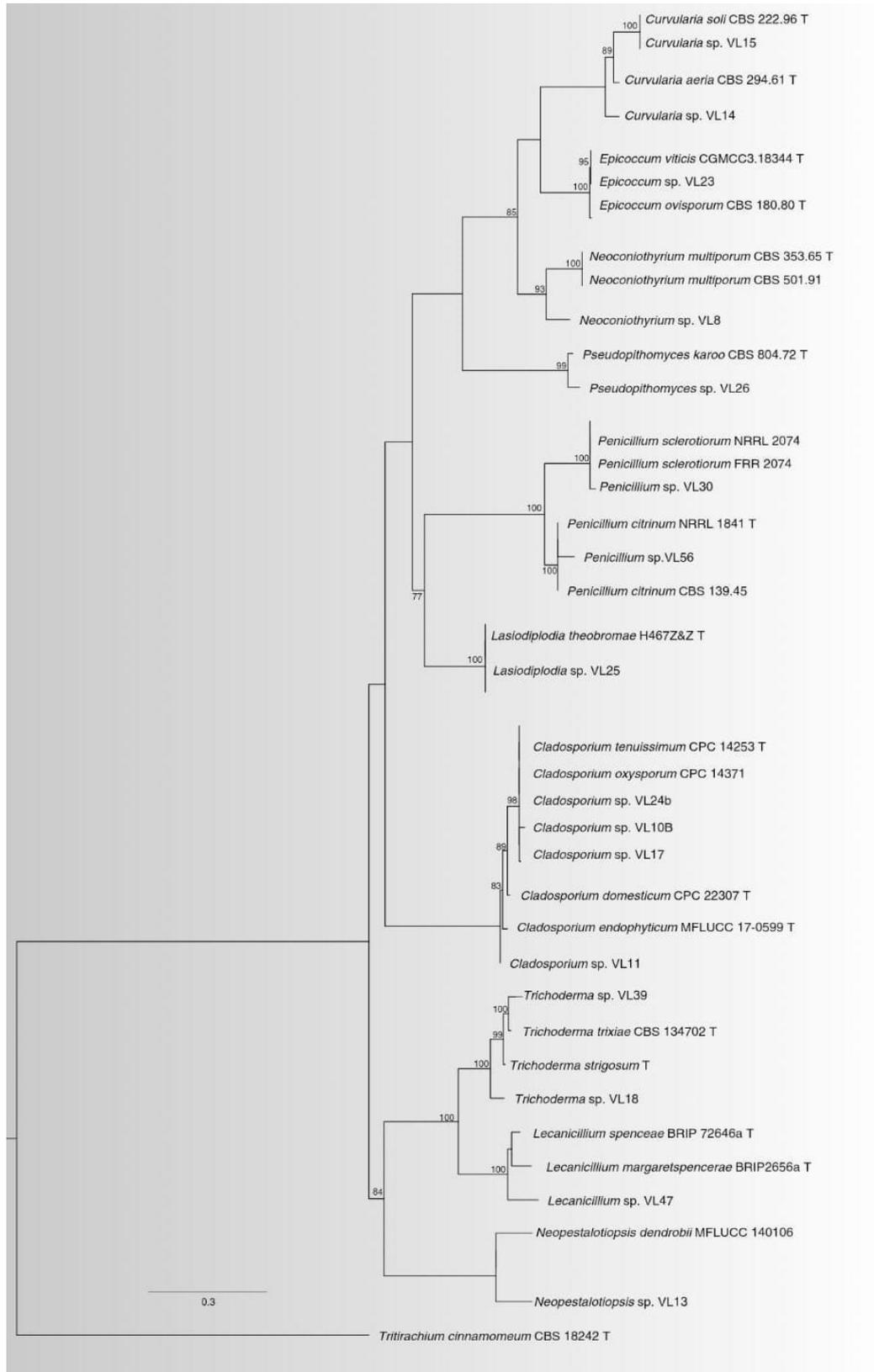
A análise da riqueza de espécies de fungos anemófilos presente na caverna, revelou um total de 58 isolados com características morfológicas distintas (Tabela 2). Desses, 36 foram identificados com base em análises morfológicas e moleculares (Figura 8). Ao total foram identificadas 30 espécies pertencentes a 15 gêneros diferentes, sendo eles *Aspergillus*, *Blastobotrys*, *Cladosporium*, *Curvularia*, *Epicoccum*, *Fusarium*, *Lasiodiplodia*, *Lecanicillium*, *Neoconiothyrium*, *Neopestalotiopsis*, *Penicillium*, *Pseudopithomyces*, *Talaromyces*, *Trichoderma* e *Tritirachium*.

Figura 8 – Morfologia macroscópica dos fungos anemófilos isolados da caverna Vale da Lua, localizada na FLONA Carajás/PA. A- *Talaromyces diversus*; B- *Pseudopithomyces* sp.1; C- *Penicillium meliponae*; D- *Lasiodiplodia theobromae*; E- *Fusarium oxysporum*; F- *Curvularia* sp.1; G- *Cladosporium tenuissimum*; H- *Neopestalotiopsis* sp. 1; I- *Neoconiothyrium* sp.; J- *Blastobotrys malaysiensis*.



Fonte: A autora (2025).

Figura 9 – Árvore de máxima verossimilhança (ML) obtida utilizando sequências de ITS do rDNA de representantes do filo Ascomycota isolados do ar da caverna Vale da Lua - PA. Valores de suporte maiores que 70% são mostrados próximo de nós. Sequências de culturas tipos estão indicadas por T. Isolados obtidos neste estudo estão representados com o código VL. A espécie *Tritirachium cinnamomeum* (Basidiomycota) foi utilizada como grupo externo.



Fonte: A autora (2025).

Tabela 2 – Riqueza das espécies de fungos anemófilos em um ponto externo e três pontos internos da caverna Vale da Lua, PA, Brasil. Onde (+) = presença e (-) = ausência.

Isolados	Ponto externo	Ponto 1	Ponto 2	Ponto 3
<i>Aspergillus</i> sp. 1	+	-	-	-
<i>Blastobotrys malaysiensis</i>	-	-	+	-
<i>Cladosporium</i> sp. 1	+	+	-	-
<i>Cladosporium</i> sp. 2 complexo <i>Cladosporioides</i>	+	+	-	-
<i>Cladosporium</i> sp. 3 complexo <i>Cladosporioides</i>	-	+	-	-
<i>Cladosporium</i> sp. 4 complexo <i>Cladosporioides</i>	-	-	+	-
<i>Cladosporium</i> sp. 5 complexo <i>Cladosporioides</i>	-	-	-	+
<i>Cladosporium</i> sp. complexo <i>Sphaerospermum</i>	-	+	-	-
<i>Cladosporium subuliforme</i>	+	-	-	-
<i>Cladosporium tenuissimum</i>	-	+	-	-
<i>Curvularia</i> sp. 1	-	+	-	-
<i>Curvularia</i> sp. 2	-	+	-	-
<i>Epicoccum</i> sp. 1	-	+	+	-
<i>Fusarium oxysporum</i>	+	-	-	-
<i>Lasiodiplodia theobromae</i>	+	-	-	-
<i>Lecanicillium</i> sp. 1	-	+	+	-
<i>Neoconiothyrium</i> sp.1	-	+	-	-
<i>Neopestalotiopsis</i> sp. 1	+	+	-	-
<i>Penicillium</i> sp. seção <i>Citrina</i>	-	-	-	+
<i>Penicillium</i> sp. seção <i>Lanata-Divaricata</i>	-	-	+	-
<i>Penicillium</i> sp. seção <i>Sclerotiorum</i>	+	-	-	-
<i>Penicillium lebrethii</i>	+	+	+	+

<i>Penicillium meliponae</i>	+	+	-	-
<i>Penicillium reverso-vinaceum</i>	-	-	-	+
<i>Penicillium steckii</i>	-	-	-	+
<i>Penicillium sumatraense</i>	+	+	+	+
<i>Pseudopithomyces</i> sp. 1	+	-	-	-
<i>Talaromyces diversus</i>	-	-	+	-
<i>Trichoderma</i> sp. 1	+	+	-	-
<i>Trichoderma koningiopsis</i>	+	-	-	-
<i>Tritirachium</i> sp. 1	-	+	-	-
TOTAL	14	15	8	6

Fonte: A autora (2025).

Os gêneros *Penicillium* e *Cladosporium* foram os mais representativos, com 10 isolados cada, sendo os únicos presentes em todos os pontos amostrais. Do mesmo modo, ambos os gêneros tiveram 8 espécies identificadas. Em seguida os gêneros *Curvularia* e *Trichoderma*, apresentaram dois isolados cada. Além dos gêneros citados, foram encontrados representantes únicos de *Blastobotrys*, *Epicoccum*, *Lecanicillium*, *Neoconiothyrium*, *Neopestalotiopsis*, *Talaromyces* e *Tritirachium* em meio cavernícola, e representantes únicos de *Aspergillus*, *Fusarium*, *Lasiodiplodia* e *Pseudopithomyces* externamente à caverna.

Em adição, algumas espécies foram isoladas exclusivamente em um único ponto amostral. No ponto externo, sete espécies foram isoladas exclusivamente, seguido pelos pontos 1 (seis), 2 (quatro), e 3 (quatro) espécies isoladas, respectivamente. Em contrapartida, *Penicillium lebrethii* e *Penicillium sumatraense* foram encontradas em todos os pontos amostrais.

6 DISCUSSÃO

A espeleologia brasileira ainda é um campo que carece de estudos aprofundados acerca de sua microbiota, especialmente quando comparado ao grande número de cavernas não registradas no país (CANIE, 2024). Embora a Amazônia seja o maior bioma brasileiro em extensão territorial, apenas dois dos 30 estudos publicados sobre a microbiota cavernícola brasileira abordam esse bioma (PRAZERES et al., 2025). No presente estudo, foi observada uma diversidade fúngica considerável no ar da caverna Vale da Lua, com grande abundância e riqueza de espécies. O estudo se alinha a pesquisas recentes, como a de Nóbrega et al. (2024), que investigou o sedimento da mesma caverna, evidenciando as cavernas ferruginosas da Amazônia como importantes *hotspots* para a diversidade fúngica.

Pesquisas anteriores realizadas em cavernas ao redor do mundo têm relatado a presença fúngica em diversos substratos, como sedimentos, matéria orgânica em decomposição, guano, ectoparasitas de morcegos e ar (VANDERWOLF et al., 2013; JURADO et al., 2016; BAJPAI et al., 2019; CUNHA et al., 2020; ALVES et al., 2022; CARVALHO et al., 2022; PEREIRA et al., 2022; NÓBREGA et al., 2024). A presença de esporos fúngicos no ambiente pode ocorrer por meio de diferentes mecanismos, como correntes de ar, visitaçaõ humana e o trânsito de animais nas cavernas (GABRIEL & NORTHUP, 2013; VANDERWOLF et al., 2013; ZAMPAULO et al., 2015).

No presente estudo, foram contabilizadas 196 UFCs de fungos anemófilos na caverna Vale da Lua, compostos por fungos filamentosos e leveduras. Observou-se que os maiores valores de abundância e riqueza ocorreram nas áreas mais próximas ao exterior da caverna, enquanto nas regiões mais internas esses números diminuíram progressivamente. Padrões semelhantes foram relatados por Vanderwolf et al. (2013) na revisão bibliográfica que agruparam estudos realizados em cavernas e minas ao redor do mundo, sugerindo que a maior concentração de material fúngico externo pode ser transportada para o hipógeo por meio do fluxo de ar, o que reforça a relação entre a localização dos pontos amostrados e as abundâncias encontradas (VANDERWOLF et al., 2013).

Grande parte dos isolados encontrados neste estudo pertence ao filo Ascomycota, com exceção de um isolado do gênero *Tritirachium*, que pertence ao filo Basidiomycota e foi encontrado exclusivamente no ponto 1. Alves et al. (2022) identificaram 24 espécies distribuídas em 13 gêneros do filo Ascomycota e um gênero

e uma espécie do filo Basidiomycota na caverna Abrigo do Letreiro, no Rio Grande do Norte. Esses resultados corroboram outras pesquisas em ambientes cavernícolas, que indicam a predominância desses filos nos substratos cavernícolas, sendo Ascomycota o mais abundante (ZHANG et al., 2021).

Dentro dos gêneros identificados, *Penicillium* e *Cladosporium* se destacaram, com oito espécies isoladas para cada. Esses gêneros são amplamente documentados em cavernas, o que pode ser atribuído à facilidade de dispersão de seus conídios (ZHANG et al., 2021; VISAGIE et al., 2024). Recentemente, seis novas espécies de *Penicillium* pertencentes à seção *Lanata-Divaricata* foram descritas na caverna Vale da Lua, isoladas a partir do processamento do sedimento, representando o primeiro registro do gênero em cavernas da Amazônia (NÓBREGA et al., 2024). Os autores ressaltam que nenhuma das espécies apresentaram crescimento em baixas temperaturas, e que todas as cepas analisadas produziram esclerócios. Esse achado pode ter implicações ecológicas relevantes, sugerindo possíveis limitações de habitat e influências nas interações ecológicas dentro do ambiente cavernícola. O gênero *Penicillium* é amplamente conhecido por seu potencial para produção de metabólitos importantes e utilização em processos biotecnológicos (BARBOSA et al., 2025). Espécies desse gênero isoladas do sedimento de uma caverna na Argélia, demonstraram atividades antimicrobianas significativas contra fungos de interesse médico como *Candida albicans*, *Micrococcus luteus* e *Staphylococcus aureus* (BELYAGOUBI et al., 2018), enquanto cepas fúngicas isoladas em cavernas venezuelanas foram eficazes na inibição do crescimento de bactérias patogênicas como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* e *Staphylococcus aureus* (GHEZZI et al., 2024).

Por outro lado, o gênero *Cladosporium* é amplamente reconhecido por agrupar espécies que atuam como decompositores, patógenos de plantas, hiperparasitas de fungos ou agentes oportunistas, sendo por vezes associado a problemas de saúde, como alergias e infecções em animais e humanos (MONCÍN et al., 2003; BENSCH et al., 2012, 2015). Um estudo realizado com a espécie *Cladosporium angustisporum*, isolada de uma caverna na Índia, demonstrou seu potencial na deterioração de superfícies minerais, como rochas e esculturas, alterando o pH do microambiente por meio da produção de ácidos orgânicos (AGRAWAL et al., 2023). A presença do gênero também foi documentada por Pereira et al. (2022), que relataram uma grande

diversidade de espécies de *Cladosporium* em uma caverna da Caatinga, incluindo a descrição de duas novas espécies (*C. cavernicola* e *C. pernambucoense*).

Assim como *Penicillium* e *Cladosporium*, outros gêneros como *Aspergillus* e *Talaromyces* também são frequentemente encontrados em ambientes cavernícolas. Embora as espécies de *Aspergillus* sejam frequentemente registradas em grande abundância no ar de cavernas brasileiras (TAYLOR et al., 2013; CUNHA et al., 2020), o presente estudo não obteve nenhum isolado em meio cavernícola, apenas um isolado de *Aspergillus* foi encontrado no meio externo à caverna. A distribuição de *Aspergillus* apresenta variações regionais, sendo mais comumente relatado em ambientes mais secos. Essa preferência ecológica pode justificar a baixa ocorrência observada nas cavernas da região amazônica, que se caracterizam por condições de alta umidade (PUIG, 2008; LIMA et al., 2024). *Aspergillus* é um gênero notório por seu potencial biotecnológico, com propriedades antifúngicas, antibacterianas e antitumorais reconhecidas (TAYLOR et al., 2017; SILVA et al., 2021; GUBIANI et al., 2022), além da sua importância médica, por ser o agente causador da aspergilose (NAGARAJAN et al., 2014).

A presença de esporos de *Aspergillus* em cavernas foi documentada por Taylor et al. (2013), que os identificaram no ar e em amostras de guano na caverna Lapa Nova, Minas Gerais, associando a dispersão dos esporos à movimentação dos visitantes sobre o solo seco. De acordo com os autores, essa dinâmica pode representar riscos à saúde humana, destacando a necessidade de manejo adequado da visitação em cavernas, que ainda carecem de estudos aprofundados (TAYLOR et al., 2013).

O gênero *Talaromyces* é amplamente encontrado em diversos substratos, incluindo solos e alimentos, embora sua ocorrência em cavernas seja inferior em comparação a outros representantes da ordem Eurotiales. No presente estudo, foram isolados dois representantes desse gênero, corroborando os achados de Cunha et al. (2020), Alves et al. (2022) e Lima et al. (2024), que relataram espécies de *Talaromyces* associadas ao corpo de morcegos, ar e sedimento de cavernas brasileiras, respectivamente. As espécies do gênero destacam-se pela importância na indústria alimentícia, com espécies como *T. trachyspermus* sendo responsável pelo apodrecimento de alimentos devido à resistência de seus esporos a temperaturas elevadas (TRANQUILLINI et al., 2017). Também é reconhecido pela atividade antagônica a patógenos de plantas e pela produção de compostos antimicrobianos

(MANOCH, 2013). Uma cepa de *Talaromyces*, isolada na Gruta do Catão, na Bahia, demonstrou significativa atividade enzimática na produção de celulases, enzimas de grande interesse industrial, utilizadas na produção de biocombustíveis, a aplicações na agricultura e indústria alimentícia (PAULA et al., 2016; EJAZ et al., 2021).

Outro gênero encontrado foi *Blastobotrys*, que possui uma ampla distribuição em diferentes habitats, incluindo solos, plantas, ambientes urbanos e animais selvagens, além de ser isolado em cavernas (THOMAS et al., 2019; VANDERWOLF, 2021; DE SÁ et al., 2022). Estudos com *Blastobotrys malaysiensis* mostraram sua característica termotolerante, o que torna essas espécies promissoras para aplicações industriais que exigem resistência a altas temperaturas (SANYA et al., 2021).

Curvularia, amplamente distribuído, inclui espécies que são tanto saprófitas quanto patogênicas, afetando diversas plantas e causando infecções em diversas partes do corpo humano, incluindo o trato respiratório, pele, cérebro e córnea (MARIN-FELIX et al., 2017; TAN et al., 2018). Neste estudo também foram identificados patógenos de plantas, como *Fusarium* (SANTOS et al., 2020), *Lasiodiplodia* (PEREIRA et al., 2006) e *Neopestalotiopsis* (FREITAS et al., 2019). Dois representantes do gênero *Trichoderma* foram identificados. Espécies desse gênero têm recebido atenção crescente como agentes de biocontrole no micoparasitismo de patógenos transmitidos pelo solo, como *Rhizoctonia solani* e *Fusarium spp.* (HAMID, 2013; EMBRAPA, 2020).

Este estudo é um dos poucos a investigar a diversidade fúngica em cavernas brasileiras, especialmente em cavernas ferruginosas da Amazônia. A pesquisa conduzida por Nóbrega et al. (2024) na caverna Vale da Lua foi crucial para a descoberta de novos táxons, incluindo espécies de *Penicillium* seção *Lanata-Divaricata*, como *P. lebrethii* e *P. reverso-vinaceum*, também identificadas neste estudo. É o primeiro registro dessas espécies como fungos anemófilos. Além disso, a caverna Vale da Lua foi o local de diversos primeiros registros de espécies em ambientes subterrâneos, como *Penicillium meliponae*, isolado inicialmente no mel da abelha *Melipona scutellaris* em Pernambuco (BARBOSA et al., 2018) e, posteriormente, encontrado em ambiente cavernícola por Nóbrega et al. (2024), demonstrando a adaptação do gênero a diferentes substratos e condições.

O gênero *Neoconiothyrium*, foi pela primeira vez relatado em folhas de *Persoonia laurina*, na Austrália (CROUS et al., 2017), e desde então, possui cinco espécies descritas, todas em substrato vegetal (CROUS et al. 2017,2019;

WANASINGHE et al., 2018). Para esse gênero, este estudo representa o primeiro relato em cavernas, e o primeiro relato do gênero no continente americano.

De forma semelhante, Alves et al. (2022) descreveram a nova espécie *Tritirachium brasiliensis* isolada do sedimento da caverna Abrigo do Letreiro, no nordeste do Brasil. No presente estudo, *Tritirachium* também foi isolado na caverna Vale da Lua, representando um dos poucos registros desse gênero em ambientes subterrâneos.

A disponibilidade de ferro em cavernas ferruginosas é um recurso essencial para os fungos, impactando diretamente seus processos metabólicos e a produção de compostos bioativos. Esse elemento desempenha um papel crucial em diversas vias metabólicas, como a respiração celular, a biossíntese de DNA e a ativação de enzimas envolvidas na transferência de elétrons (BARBOSA et al., 2025). Nesse contexto, compreender a microbiota de cavernas ferruginosas é fundamental, pois os dados obtidos contribuem para a estimativa taxonômica de espécies nesses ambientes subterrâneos, ampliando o conhecimento sobre a diversidade fúngica e o potencial biotecnológico dessas espécies.

7 CONCLUSÃO

- A caverna Vale da Lua demonstrou ser um *hotspot* de diversidade fúngica, corroborando com estudos recentes sobre cavernas ferruginosas na região.
- O filo Ascomycota foi o mais predominante, sendo *Penicillium* e *Cladosporium* os gêneros mais frequentes, com isolados em todos os pontos amostrais.
- Os isolados únicos de *Blastobotrys*, *Epicoccum*, *Lecanicillium*, *Neoconiothyrium*, *Neopestalotiopsis*, *Talaromyces* e *Tritirachium* destacam a presença desses gêneros em ambientes subterrâneos, ampliando significativamente sua distribuição e contribuindo para o entendimento da diversidade fúngica nesses ecossistemas.
- Os achados deste estudo contribuem para ampliar o conhecimento sobre a microbiota cavernícola no Brasil, principalmente em cavernas ferruginosas da Amazônia, reforçando a necessidade de mais pesquisas sobre a biodiversidade, conservação de ambientes cavernícolas e o papel ecológico dos fungos nesses ambientes.

REFERÊNCIAS

ABREGO, Nerea et al. Airborne DNA reveals predictable spatial and seasonal dynamics of fungi. *Nature*, v. 631, n. 8022, p. 835-842, 2024.

AGÊNCIA BRASIL. Degradação de florestas na Amazônia bate recorde mensal em setembro. EBC, 2024. Disponível em: <https://agenciabrasil.ebc.com.br/meio-ambiente/noticia/2024-10/degradacao-de-florestas-na-amazonia-bate-recorde-mensal-em-setembro#:~:text=Dos%20nove%20estados%20que%20comp%C3%B5em,que%20mais%20desmataram%20s%C3%A3o%20paraenses>. Acesso em: 25 out. 2024.

AGRAWAL, S.; KHUMLIANLAL, J.; DEVI, S. I. Uncovering the fungal diversity and biodeterioration phenomenon on archaeological carvings of the Badami Cave Temples: a microcosm study. *Life*, v. 14, 2023, p. 28.

ALEXOPOULOS, C. J.; MIMS, C. W.; BLACKWELL, M. *Introductory Mycology*. 4. ed. New York: John Wiley & Sons, 1996. 869 p.

ALVES, V.C.S. et al. Unravelling the fungal darkness in a tropical cave: richness and the description of one new genus and six new species. *Fungal Systematics and Evolution*, v. 10, n. 1, p. 139-167, 2022.

BAJPAI, Apekcha; RAWAT, Seema; JOHRI, Bhavdish N. Fungal diversity: global perspective and ecosystem dynamics. In: *Microbial Diversity in Ecosystem Sustainability and Biotechnological Applications: Volume 1. Microbial Diversity in Normal & Extreme Environments*, p. 83-113, 2019.

BARBOSA, Renan N. et al. New *Penicillium* and *Talaromyces* species from honey, pollen and nests of stingless bees. *Antonie van Leeuwenhoek*, v. 111, p. 1883-1912, 2018.

BARBOSA, R. N. et al. A review of the biotechnological potential of cave fungi: a toolbox for the future. *Journal of Fungi*, v. 11, n. 2, 2025, p. 145.

BASTIAN, F.; JURADO, V.; NOVAKOVA, A.; ALABOUVETTE, C.; SAIZ-JIMENEZ, C. The microbiology of Lascaux Cave. *Microbiology*, v. 156, 2010, p. 644–652. DOI: 10.1099/mic.0.036160-0.

BELYAGOUBI, L.; BELYAGOUBI-BENHAMMOU, N.; JURADO, V.; DUPONT, J.; LACOSTE, S.; DJEBBAH, F.; OUNADJELA, F.Z.; BENAÏSSA, S.; HABI, S.; ABDELOUABI, D.E.; et al. Antimicrobial activities of culturable microorganisms (actinomycetes and fungi) isolated from Chaabe Cave, Algeria. *Int. J. Speleol.*, 2018, 47, 189–199.

BENSCH, K. et al. The genus *Cladosporium*. *Studies in Mycology*, v. 72, 2012, p. 1-401.

BHUNJUN, C.S. et al. What are the 100 most cited fungal genera? *Studies in Mycology*, v. 108, n. 1, p. 1-412, 2024.

BISANÇÃO, V. T.; GOLIAS, H. C.; POLONIO, J. C. Cogumelos Basidiomycota: fontes de compostos com atividade anticâncer. *Arquivos do Mudi*, vol. 26, n. 2, 2022, p. 29-46.

BRASIL. Lei nº 9.985, de 18 de julho de 2000. Regulamenta o art. 225, § 1º, incisos I, II, III e VII da Constituição Federal, institui o Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza e dá outras providências. *Diário Oficial da União: Seção 1*, Brasília, DF, 19 jul. 2000. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l9985.htm.

BRASIL. Decreto nº 6.640, de 7 de novembro de 2008. Dispõe sobre a proteção das cavidades naturais subterrâneas existentes no território nacional. *Diário Oficial da União: Seção 1*, Brasília, DF, 10 nov. 2008. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2008/decreto/d6640.htm. Acesso em: 14 fev. 2025.

BRASIL. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE (MMA). Cadastro Nacional de Unidades de Conservação. Disponível em: <https://antigo.mma.gov.br/areas-protegidas/cadastro-nacional-uc.html#startOfPagelD923>. Acesso em: 18 fev. 2025.

CAMPOS, J.F.; CASTILHO, A.F. Uma visão geográfica da região da Flona de Carajás. Fauna da Floresta Nacional de Carajás: estudos sobre vertebrados terrestres. São Paulo: Nitro Imagens, 2012. p. 16-27.

CARVALHO, Pedro Sérgio Landim de; SILVA, Marcelo Machado da; ROCIO, Marco Aurélio Ramalho; MOSZKOWICZ, Jacques. Minério de ferro. *BNDES Setorial*, n. 39, p. 197-233, mar. 2014.

CARVALHO, J. L. V. R.; LIMA, J. M. S.; BARBIER, E.; BERNARD, E.; BEZERRA, J. D. P.; SOUZA-MOTTA, C. M. Ticket to ride: fungi from bat ectoparasites in a tropical cave and the description of two new species. *Brazilian Journal of Microbiology*, v. 53, 2022, p. 2077–2091.

CASTRILLÓN, A. L.; MORAES, M. A. P.; FURTADO, M. S. S. Isolamento de *Microsporium amazonicum* do solo do estado do Amazonas, Brasil. *Acta Amazônica*, v. 6, 1976, p. 487–490.

CECAV. *Anuário estatístico do patrimônio espeleológico brasileiro 2022*. Brasília, n. 5, 2023.

CONDÉ, T. O. et al. Shedding light on the darkness: a new genus and four new species in the family Chaetomiaceae from Brazilian neotropical caves revealed by multi-gene phylogenetic analyses. *Mycological Progress*, v. 22, n. 7, 2023, p. 49.

COSTA, P. H. O. *Diversidade microbiana na rizosfera de Dioclea apurensis Kunth em áreas nativas e de recuperação em Carajás*. Belém: Instituto Tecnológico Vale – ITV, 2021.

COURTY, P. E.; BUEE, M.; DIEDHIU, A. G. et al. The role of ectomycorrhizal communities in forest ecosystem processes: new perspectives and emerging concepts. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, p. 679-698.

CROUS, Pedro Willem et al. Fungal Planet description sheets: 951–1041. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, v. 43, p. 223, 2019.

CROUS, Pedro W. et al. Fungal Planet description sheets: 625–715. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, v. 39, p. 270, 2017.

CULVER, D. C. *Cave Life, Evolution and Ecology*. Cambridge, Massachusetts and London, England: Harvard University Press, 1982. 189 p.

CULVER, D. C.; PIPAN, T. *The biology of caves and other subterranean habitats*. Oxford: Oxford University Press, USA, 2009. Disponível em: <http://doi.org/10.1093/icb/icp040>. Acesso em: 05 mar. 2025.

CUNHA, Aline O.B. et al. Living in the dark: Bat caves as hotspots of fungal diversity. *PLoS One*, v. 15, n. 12, p. e0243494, 2020.

DE ABREU, J. A. S.; ROVIDA, A. F. S.; PAMPHILE, J. A. Fungos de interesse: aplicações biotecnológicas. *Uningá Review*, v. 21, n. 1, 2015.

DE SÁ, A. S. F.; LEONARDO-SILVA, L.; XAVIER-SANTOS, S. Expanding the geographical distribution of *Blastobotrys malaysiensis* (Saccharomycetales) beyond the Asian continent – a cave fungus first reported in the Americas. *Biodiversity Data Journal*, v. 10, 2022, p. e80226.

DOMINGUEZ-MOÑINO, I.; JURADO, V.; ROGERIO-CANDELERA, M. A.; HERMOSIN, B.; SAIZ-JIMENEZ, C. Airborne fungi in show caves from southern Spain. *Applied Sciences*, v. 11, n. 11, 2021, p. 5027. DOI: 10.3390/app11115027.

EBLING, L. et al. Levantamento de fungos agaricales (Basidiomycota) em floresta estacional semidecidual no sul do Brasil: análise preliminar. *Anais do Salão Internacional de Ensino, Pesquisa e Extensão*, v. 10, n. 2, 2020.

EJAZ, U.; SOHAIL, M.; GHANEMI, A. Cellulases: From bioactivity to a variety of industrial applications. *Biomimetics*, v. 6, 2021, p. 44.

FERNÁNDEZ-CORTÉS, A.; CUEZVA, S.; SANCHEZ-MORAL, S.; CAÑAVERAS, J. C.; PORCA, E.; JURADO, V.; MARTIN-SANCHES, P. M.; SAIZ-JIMENEZ, C. Detection of human-induced environmental disturbances in a show cave. *Environmental Science and Pollution Research*, v. 18, 2011, p. 1037-1045.

FREE, S. J. Fungal cell wall organization and biosynthesis. *Advances in Genetics*, v. 81, 2013, p. 34-71.

FORTUNA, J. L. *Apostila da Disciplina de Biologia dos Fungos*. Teixeira de Freitas: Projeto Fungus Extremus, UNEB, Campus X, 2020, 27 p.

GABRIEL, C. R.; NORTHUP, D. E. Microbial ecology: caves as an extreme habitat. In: **CHEEPHAM, N.** (org.). *Cave Microbiomes: A Novel Resource for Drug Discovery*, vol. 1. New York: Springer, 2013, p. 85–108. DOI: 10.1007/978-1-4614-5206-5_5.

GARCÍA, M. C. C.; RESTREPO, S. R.; FRANCO-MOLANO, A. E.; TOQUICA, M. C.; ESTUPINAN, N. V. *Biología de hongos*. Bogotá: Universidad de los Andes, Facultad de Ciência, 2012, 520 p.

GHEZZI, D.; SALVI, L.; COSTANTINI, P. E.; FIRRINCIELI, A.; IORIO, M.; LOPO, E.; SOSIO, M.; ELBANNA, A. H.; KHALIL, Z. G.; CAPON, R. J. et al. Ancient and remote quartzite caves as a novel source of culturable microbes with biotechnological potential. *Microbiological Research*, v. 286, 2024, p. 127793.

GUBIANI, J. R.; BERNARDI, D. I.; DE PAULA, C. C. P.; SELEGHIM, M. H. R.; FERREIRA, A. G.; BATISTA, A. N. L.; BATISTA, J. M., Jr.; OLIVEIRA, L. F. P.; LIRA, S. P.; BURDETTE, J. E.; et al. *Absolute configuration of cytotoxic anthraquinones from a Brazilian cave soil-derived fungus, Aspergillus sp. SDC28*. *Arch. Pharm.*, 2022, v. 355, e2100441.

HEILMANN-CLAUSEN, J.; BARRON, E. S.; BODDY, L. et al. A fungal perspective on conservation biology. *Conservation Biology*, v. 29, 2015, p. 61-68.

HOLSINGER, J. R.; CULVER, D. C. The invertebrate cave fauna of Virginia and a part of Eastern Tennessee: zoogeography and ecology. *Brimleyana*, v. 14, 1988, p. 1-162.

HONEGGER, R. The symbiotic phenotype of lichen-forming Ascomycetes and their endo- and epibionts. In: **HOCK, B.** (org.). *Fungal Associations. The Mycota: A Comprehensive Treatise on Fungi as Experimental Systems for Basic and Applied Research*. Berlin: Springer, 2012, p. 287-339.

HOWARTH, F. G. Ecology of cave arthropods. *Annual Review of Entomology*, v. 28, 1983, p. 365-389.

HYDE, Kevin D. The numbers of fungi. *Fungal Diversity*, v. 114, n. 1, p. 1-1, 2022.

INSTITUTO BRASILEIRO DE ADMINISTRAÇÃO MUNICIPAL (IBAM). *Bioma Amazônia e Desmatamento*. Rio de Janeiro: IBAM, 2015. Disponível em: <https://www.fundoamazonia.gov.br/export/sites/default/pt/.galleries/documentos/acer-vo-projetos-cartilhas-outros/IBAM-Bioma-Amazônia-Desmatamento-caderno-estudo.pdf>. Acesso em: 20 nov. 2024.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/informacoes-ambientais/vegetacao/15842-biomas>. Acesso em: 01. nov 2024.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio); STCP ENGENHARIA DE PROJETOS LTDA. Plano de Manejo da Floresta Nacional de Carajás. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, v. 2, 2016.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Plano de pesquisa geossistemas ferruginosos da Floresta Nacional de Carajás: temas prioritários para pesquisa e diretrizes para ampliação do conhecimento sobre os geossistemas ferruginosos da Floresta Nacional de Carajás e seu entorno. Brasília: ICMBio, 2017. 82 p.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Espeleologia e Licenciamento Ambiental. Brasília: ICMBio, 2019. Disponível em: https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/centros-de-pesquisa/cavernas/publicacoes/espeleologia_e_licenciamento_ambiental.pdf. Acesso em: 23 fev. 2025.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Bioma Amazônia. Disponível em: <https://www.icmbio.gov.br/portal/biodiversidade/unidades-de-conservacao/biomas-brasileiros/amazonia.html>. Acesso em: 05 set. 2024.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Plano de Pesquisa das Unidades de Conservação do Mosaico de Carajás. Disponível em: https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/biodiversidade/unidade-de-conservacao/unidades-de-biomas/amazonia/lista-de-ucs/flona-de-carajas/arquivos/plano_de_pesquisa_das_ucs_do_mosaico_de_carajas_digital_.pdf. Acesso em: 25 out. 2024.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Informações sobre visitação – FLONA de Carajás. Disponível em: <https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/biodiversidade/unidade-de-conservacao/unidades-de-biomas/amazonia/lista-de-ucs/flona-de-carajas/informacoes-sobre-visitacao-flona-de-carajas>. Acesso em: 15 jan. 2025.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Amazônia. Disponível em: <https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/biodiversidade/unidade-de-conservacao/unidades-de-biomas/amazonia>. Acesso em: 05 fev. 2025.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBio). Cadastro Nacional de Informações Espeleológicas (CANIE). Disponível em: https://canie.sisicmbio.icmbio.gov.br/help/Help%20On-Line.html?Cadastrar1.html=&utm_source=chatgpt.com. Acesso em: 01 mar. 2025.

INSTITUTO DE PESQUISA AMBIENTAL DA AMAZÔNIA (IPAM). Como o desmatamento contribui para as mudanças climáticas. 2007. Disponível em: <https://ipam.org.br/entenda/como-o-desmatamento-contribui-para-as-mudancas-climaticas/>. Acesso em: 25 out. 2024.

JARDIM BOTÂNICO DO RIO DE JANEIRO. *Flora e Funga do Brasil*. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>. Acesso em: 6 abr. 2025.

JURADO, V.; SÁIZ-JIMÉNEZ, C. Vida microbiana en las cavernas: el fascinante mundo de la biodiversidad subterránea e seu papel nos processos de deterioro. *Enseñanza de las Ciencias de la Tierra*, v. 24, p. 51–60, 2016.

JURADO, V. et al. Gypsum cave biofilm communities are strongly influenced by bat- and arthropod-related fungi. *Microbial Ecology*, v. 87, n. 1, 2024, p. 80.

KENDRICK, B. *The Fifth Kingdom: An Introduction to Mycology*. 4. ed. USA: Hackett Publishing Company, 2017. 512 p.

KOSZNIK-KWAŚNICKA, K.; GOLEC, P.; JAROSZEWICZ, W.; LUBOMSKA, D.; PIECHOWICZ, L. Into the Unknown: Microbial Communities in Caves, Their Role, and Potential Use. *Microorganisms*, v. 10, n. 2, p. 222, 2022.

LEÃO, A. F. et al. Amphichorda monjolensis sp. nov., a new fungal species isolated from a Brazilian limestone cave, with an update on acremonium-like species in Bionectriaceae. *Brazilian Journal of Microbiology*, v. 55, n. 2, 2024, p. 1569-1585.

LIMA, J. M. S.; BARBOSA, R. N.; BENTO, D. M.; BARBIER, E.; BERNARD, E.; BEZERRA, J. D. P.; SOUZA-MOTTA, C. M. Aspergillus, Penicillium, and Talaromyces (Eurotiales) in Brazilian caves, with the description of four new species. *Fungal Systematics and Evolution*, v. 14, 2024, p. 89–107. DOI: 10.3114/fuse.2024.14.06.

MANOCH, L. et al. Two new Talaromyces species from soil in Thailand. *Mycoscience*, v. 54, n. 5, 2013, p. 335-342.

MARIN-FELIX, Y.; GROENEWALD, J. Z.; CAI, L.; CHEN, Q. et al. Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 1. *Studies in Mycology*, v. 86, 2017, p. 99–216. DOI: 10.1016/j.simyco.2017.04.002.

MONCÍN, M. M. San Miguel; BAHIMA, A. Cisteró. Utilidad de los alérgenos recombinantes de hongos en la práctica diária. *Alergología e Inmunología Clínica*, v. 18, n. 3, 2003, p. 117-121.

MONTEIRO, F.A.D.; MONTEIRO, J.F.N.; MOURA, P.E.F. Que riquezas podemos encontrar nas cavernas? In: ZAMPAULO, R.A. (Org.). Congresso Brasileiro de Espeleologia, 35, 2019, Bonito. Anais... Campinas: SBE, 2019. p. 430-438. Disponível em: . Acesso em: data do acesso.

MOTA, N.F.O. et al. Vegetação sobre sistemas ferruginosos da Serra dos Carajás. In: CARMO; KAMINO (Orgs.). *Geossistemas Ferruginosos do Brasil: áreas prioritárias para conservação da diversidade geológica e biológica, patrimônio cultural e serviços ambientais*. Belo Horizonte: 3i Editora, 2015. Cap. 10, p. 289-315.

NAGARAJAN, Chadiesh et al. Fungal rhinosinusitis: report of uncommon Aspergillus species as etiological agents. *Int. J. Case Rep. Images*, v. 5, 2014, p. 13.

NEVES, D. S. et al. Molluscicidal screening of Hypocreales fungi from a Brazilian Cerrado cave against *Biomphalaria glabrata* snails. *Journal of Fungi*, v. 11, n. 3, 2025, p. 173.

NIEGO, Allen Grace T. et al. The contribution of fungi to the global economy. *Fungal Diversity*, v. 121, n. 1, p. 95-137, 2023.

NÓBREGA, J. P. et al. Six new *Penicillium* species in the section *Lanata-Divaricata* from a cave in Amazon rainforest, Brazil. *Mycological Progress*, v. 23, n. 1, 2024, p. 1-24.

NÓBREGA, J. P. et al. Micobiota do sedimento da Caverna Vale da Lua, FLONA Carajás-PA. Tese (Mestrado em Biologia de Fungos) – Centro de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco, 2024.

NOVÁKOVÁ, A. Microscopic fungi isolated from the Domica Cave system (Slovak Karst National Park, Slovakia). A review. *International Journal of Speleology*, v. 38, n. 1, 2009, p. 71-82.

OGÓREK, R.; DYLA, M.; KOZAK, B.; VISNOVSKA, Z.; TANCINOVA, D.; LEJMAN, A. Fungi isolated and quantified from bat guano and air in Harmanečka and Driny Caves (Slovakia). *Journal of Cave and Karst Studies*, v. 78, n. 1, 2016, p. 41–49. DOI: 10.4311/2015MB0108.

OGÓREK, R. et al. Speleomycological and chemical assessment of sediments in Demänovská Slobody Cave (Slovakia). *International Biodeterioration & Biodegradation*, v. 192, 2024, p. 105828.

OLIVEIRA, J. C. *Tópicos em Micologia Médica*. Rio de Janeiro: s.n., 2014, 230 p., il. col.

PAULA, C. C. P.; MONTOYA, Q. V.; RODRIGUES, A.; BICHUETTE, M. E.; SELEGHIM, M. H. R. Terrestrial filamentous fungi from Gruta do Catão (São Desidério, Bahia, Northeastern Brazil) show high levels of cellulose degradation. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 88, 2016, p. 9–21.

PARAPOULI, M.; VASILEIADIS, A.; AFENDRA, A. S.; HATZILOUKAS, E. *Saccharomyces cerevisiae* and its industrial applications. *AIMS Microbiol.*, v. 6, n. 1, 2020, p. 1-31. DOI: 10.3934/microbiol.2020001.

PEAY, K.; KENNEDY, P.; TALBOT, J. Dimensions of biodiversity in the Earth mycobiome. *Nature Reviews Microbiology*, v. 14, 2016, p. 434–447. DOI: 10.1038/nrmicro.2016.59.

PECK, S.; BALIU, A. R.; GONZALEZ, G. G. The cave-inhabiting beetles of Cuba (Insecta: Coleoptera): diversity, distribution and ecology. *Journal of Caves and Karst Studies*, v. 60, 1998, p. 156-165.

PEREIRA, Mayara L.S. et al. Richness of *Cladosporium* in a tropical bat cave with the description of two new species. *Mycological Progress*, v. 21, n. 1, p. 345-357, 2022.

PILÓ, L.B.; AULER, A.S. Geoespeleologia das cavernas em rochas ferríferas da Região de Carajás, PA. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ESPELEOLOGIA, n. 30,

2009, Montes Claros. Anais... Montes Claros: Sociedade Brasileira de Espeleologia, 2009. p. 181-186.

PILÓ, L. B.; AULER, A. S. Introdução à espeleologia. In: **CRUZ, J. B.; PILÓ, L. B.** (org.). *Espeleologia e Licenciamento Ambiental*. Brasília: ICMBio, 2019, p. 9-38.

PIMENTEL, N. T.; BERNARD, E. Monitoramento térmico de bat caves na Floresta Nacional de Carajás. *Revista Brasileira de Espeleologia*, v. 1, n. 1, 2024.

POULSON, T. L.; WHITE, W. B. The cave environment. *Science*, v. 165, 1969, p. 971-980. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1126/science.165.3897.971>. Acesso em: 05 mar. 2025.

PRAZERES, J.F.S.A. et al. Current knowledge on the cave fungi in Brazilian biomes. *Fungal Biology Reviews*, v. 51, p. 100412, 2025.

PROUS, X.; FERREIRA, R. L.; MARTINS, R. P. Delimitation of epigeal-hypogean ecotone zone in two limestone caves in southeastern Brazil. *Austral Ecology*, v. 29, 2004, p. 374-382.

PUIG, H. A Floresta Tropical Úmida. São Paulo: UNESP, 2008. 496 p.

RAWAT, S.; RACHN, R.; JOHRI, B.N. Fungal world of cave ecosystem. Springer Nature Singapore, 2017. 7: 99-124.

RIGOLIN, F. R. et al. Biodegradation of the pyrethroid pesticide gamma-cyhalothrin by fungi from a Brazilian cave. *Journal of the Brazilian Chemical Society*, v. 35, 2024, p. e-20240026.

RUSSELL, J. R.; HUANG, J.; ANAND, P.; KUCERA, K.; SANDOVAL, A. G.; DANTZLER, K. W.; ... STROBEL, S. A. Biodegradation of polyester polyurethane by endophytic fungi. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 77, n. 17, 2011, p. 6076–6084. DOI: 10.1128/aem.00521-11.

SANTOS, B.A. Recursos minerais. In: ALMEIDA, J.M.G. (Org.). *Carajás: Desafio político, ecologia e desenvolvimento*. São Paulo: Brasiliense, 1986. p. 294-361.

SANYA, D. R. A.; ONÉSIME, D.; PASSOTH, V.; MAITI, M.; CHATTOPADHYAY, A.; KHOT, M. Yeasts of the *Blastobotrys* genus are a promising platform for lipid-based fuels and oleochemicals production. *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 105, n. 12, 2021, p. 4879–4897. DOI: 10.1007/s00253-021-11354-3.

SCULLY, M. C.; BADDLEY, J. W. Epidemiology of histoplasmosis. *Current Fungal Infection Reports*, v. 12, n. 1, 2018, p. 51–58.

SILVA, J. M. P. Território e Mineração em Carajás. 1. ed. Belém: GAFTA/UFBA, 2013. 275 p.

SILVA, E. I. P.; JAYASINGHA, P.; SENANAYAKE, S.; DANDENIYA, A.; MUNASINGHE, D. H. Microbiological study in a gneissic cave from Sri Lanka, with

special focus on potential antimicrobial activities. *International Journal of Speleology*, v. 50, 2021, p. 4.

SKIRY CZ, A.; CASTILHO, A.; CHAPARRO, C.; CARVALHO, N.; TZOTZOS, G.; SIQUEIRA, J.O. Canga biodiversity, a matter of mining. *Frontiers in Plant Science*, v. 5, p. 1-9, 2014.

SOLOMON, B. D. Biofuels and sustainability. *Annals of the New York Academy of Sciences*, v. 1185, n. 1, 2010, p. 119-134.

SOUZA, Julia Cristina Bandeira Lino de; SUHOGUSOFF, Alexandra Vieira. Cavernas e espeleotemas. *Geologia Geral: Uma Revista da Turma* 63, p. 31-33, 2021.

TAN, Y. P.; CROUS, P. W.; SHIVAS, R. G. Cryptic species of *Curvularia* in the culture collection of the Queensland plant pathology herbarium. *MycKeys*, v. 35, 2018, p. 1–25. DOI: 10.3897/mycokeys.35.25665.

TAYLOR E. L. S.; RESENDE-STOIANOFF, M.A.; FERREIRA, R.L. Mycological study for a management plan of a Neotropical show cave (Brazil). *International Journal of Speleology*, v. 42, p. 267–277, 2013.

TAYLOR, E. L. S.; FERREIRA, G. F.; DE FREITAS, G. J. C.; FERREIRA, R. L.; DE ASSIS SANTOS, D.; DE RESENDE-STOIANOFF, M. A. Screening of antifungal susceptibility in cave-dwelling *aspergilli* and report of an amphotericin B-resistant *Aspergillus flavus*. *International Journal of Speleology*, v. 46, 2017, p. 5–14.

TEIXEIRA, M. F. S.; SILVA, T. A.; PALHETA, R. A.; CARNEIRO, A. L. B.; ATAYDE, H. M. *Fungos da Amazônia: uma riqueza inexplorada: Aplicações Biotecnológicas*. Manaus: Edua, 2011, 255 p.

THOMAS, S.; SANYA, D. A.; FOUCHARD, F.; NGUYEN, H.; KUNZE, G.; NEUVÉLEGIS, C.; CRUTZ-LE COQ, A. Blastobotrys adenivorans and B. raffinosifermentans, two sibling yeast species which accumulate lipids at elevated temperatures and from diverse sugars.

TORTORA, G.; CASE, C. L.; FUNKE, B. R. *Microbiologia*. 8ª ed. São Paulo: Editora Atheneu, 2012.

TRAJANO, Eleonora; BICHUETTE, Maria Elina. *Biologia subterrânea: introdução*. São Paulo: Redespeleo Brasil, 2006. Acesso em: 09 set. 2024.

TRANQUILLINI, R.; SCARAMUZZA, N.; BERNI, E. Occurrence and ecological distribution of heat resistant moulds spores (HRMS) in raw materials used by food industry and thermal characterization of two *Talaromyces* isolates. *International Journal of Food Microbiology*, v. 242, 2017, p. 116-123.

VANDERWOLF, K.J.; MALLOCH, D.; MCALPINE, D.F.; FORBES, G.J. A world review of fungi, yeasts, and slime molds in caves. *International Journal of Speleology*, v. 42, p. 77–96, 2013.

VANDERWOLF, K. J. et al. Mycobiome traits associated with disease tolerance predict many Western North American bat species will be susceptible to White-Nose Syndrome. *Microbiology Spectrum*, v. 9, n. 1, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/Spectrum.00254-21>. Acesso em: 05 mar. 2025.

VISAGIE, C. M. et al. A review of recently introduced *Aspergillus*, *Penicillium*, *Talaromyces* and other Eurotiales species. *Studies in Mycology*, v. 107, n. 1, 2024, p. 1-66.

WANASINGHE, Dhanushka N. et al. Fungal diversity notes 709–839: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa with an emphasis on fungi on Rosaceae. *Fungal diversity*, v. 89, p. 1-236, 2018.

WEBSTER, J.; WEBER, W. S. *Introduction to Fungi*. 3. ed. Cambridge: Cambridge University Press, 2007. 875 p.

WHITE, W. B.; CULVER, D. C. *The Encyclopedia of Caves*. San Diego: Elsevier Academic Press, 2012. 654 p.

WIJAYAWARDENE, N. N.; HYDE, K. D.; AL-ANI, L. K.; TEDERSOO, L. et al. Outline of Fungi and funguslike taxa. *Mycosphere*, v. 11, n. 1, 2020, p. 1060–1456. DOI: 10.5943/mycosphere/11/1/8.

ZAMPAULO, R. A. Diversidade de espécies troglóbias em cavidades ferríferas do Parque Estadual da Serra do Rola Moça (PESRM), Minas Gerais. In: *Anais...*, Campinas: SBE, 2015, p. 87-97.

ZHANG, Z. F.; LIU, F.; ZHOU, X.; LU, X. Z.; LIU, S. J.; CAI, L. Culturable mycobiota from karst caves in China, with descriptions of 20 new species. *Persoonia*, v. 39, 2017, p. 1–31.

ZHANG, Z. K.; WANG, X. C.; ZHUANG, W. Y. et al. New species of *Talaromyces* (Fungi) isolated from soil in southwestern China. *Biology*, v. 10, 2021, p. 745.

ZHANG, Z.F.; ZHOU, S.Y.; EURWILAICHITR, L. et al. Culturable mycobiota from Karst caves in China II, with descriptions of 33 new species. *Fungal Diversity*, v. 106, p. 29–136, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00453-7>.