

YAN LUCAS GOMES DUTRA

**TAXONOMIA E FILOGENIA MOLECULAR DE FUNGOS DA CAVERNA
MONTE CRISTO NA SERRA DO ESPINHAÇO MERIDIONAL
(DIAMANTINA - MINAS GERAIS)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Olinto Liparini Pereira
Coorientador: André Wilson Campos Rosado

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2020

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade Federal de
Viçosa - Campus Viçosa

T

D978t
2020 Dutra, Yan Lucas Gomes, 1995-
Taxonomia e filogenia molecular de fungos da caverna Monte
Cristo na Serra do Espinhaço Meridional (Diamantina - Minas Gerais) /
Yan Lucas Gomes Dutra. - Viçosa, MG, 2020.
59 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Olinto Liparini Pereira.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 48-59.

1. Micologia. 2. Biodiversidade. 3. Biologia - Classificação.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Microbiologia.
Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola. II. Título.

CDD 22. ed. 579.5

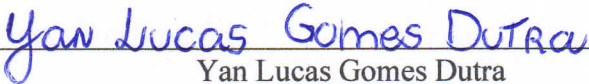
YAN LUCAS GOMES DUTRA

TAXONOMIA E FILOGENIA MOLECULAR DE FUNGOS DA CAVERNA
MONTE CRISTO NA SERRA DO ESPINHAÇO MERIDIONAL
(DIAMANTINA - MINAS GERAIS)

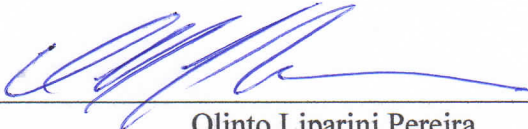
Dissertação apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das
exigências do Programa de Pós-Graduação
em Microbiologia Agrícola, para obtenção
do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 16 de dezembro 2020.

Assentimento:



Yan Lucas Gomes Dutra
Autor



Olinto Liparini Pereira
Orientador

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por sempre estar iluminando meu caminho e abençoando meus passos durante todos esses anos da minha formação acadêmica.

Aos meus Pais José Geraldo Dutra e Maria Lúcia Gomes de Carvalho Dutra pelo amor incondicional, a minha irmã Natália Gomes Dutra, a minha avó Odite Gomes de Carvalho e aos demais familiares, por todo apoio, amor e confiança em todos os momentos e escolhas da minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola, por me permitirem concluir este curso e realizar este trabalho e aos Professores do Departamento de Microbiologia pelos conhecimentos transmitidos.

Ao Departamento de Microbiologia e ao Departamento de Fitopatologia, pela oportunidade e estruturas oferecidas para a realização deste trabalho.

Ao meu orientador, Professor Olinto Liparini Pereira, pela oportunidade de realização deste trabalho, confiança em meu trabalho e profissionalismo.

A todos os meus amigos do Laboratório de Micologia e Etiologia de Doenças Fúngicas de Plantas, foi um enorme prazer trabalhar, fazer parte e crescer com essa equipe. Agradeço pela amizade, pelos inúmeros ensinamentos e pela ajuda nas atividades laboratoriais. Em especial ao Dr. André Rosado, Dra. Mariana Silva, M.Sc. Athus Diego, M.Sc. Fábio Custódio e aos demais membros do laboratório.

A equipe do Team Cave, M.Sc. Thiago Condé e a Ana Flávia Leão, pela parceria, amizade e principalmente companheirismos durante todo esse processo e as atividades desenvolvidas.

Aos colegas de departamento, João Marcos, Letícia, Katialaine, Mayra, Everaldo, Dâmares, Emuriela, Pâmela e Jessica Rosa pela companhia e amizade durante todo esse período.

Aos amigos que fiz aqui durante esse período na UFV e que sem eles toda essa etapa seria muito mais difícil de continuar, por toda ajuda quando precisei e por cada mensagem, risada e choro que compartilhamos, só tenho a agradecer a esses amigos em especial a Thamylles Mayrink, Nataly Figueiredo, Jéssica Assis e Rúzivia Pimentel.

Aos meus amigos de longa data Juniely Cesário, Monick Berbert, Bruno Damasceno, Suellen Berbert e Luana Roncat pelo apoio diário de cada um de vocês foi fundamental para meu amadurecimento. Obrigada por tudo.

O presente trabalho foi realizado com apoio ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo e a FAPEMIG e também o apoio da Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A Universidade Federal do Vale do Jequitinhonha e Mucuri- UFVJM e a Universidade Federal de Viçosa pela parceria e por permitir a realização deste trabalho e a realização das coletas.

Aos professores envolvidos neste projeto desde o início Profa Soraya (UFVJM), Profa Catariana (UFV), Prof Lúcio (UFVJM), Dra Meiriele Silva (UFV).

A todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho. Muito obrigado!

BIOGRAFIA

Yan Lucas Gomes Dutra, filho de José Geraldo Dutra e Maria Lúcia Gomes de Carvalho Dutra, nasceu em Manhuaçu, Minas Gerais, no dia 31 de maio de 1995.

Em 2014 ingressou no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas pela Sociedade de Ensino Superior de Manhuaçu (Faculdade do Futuro), graduando-se em julho de 2017.

Durante o período de março de 2015 até o término da graduação foi estagiário do laboratório de microbiologia, Zoologia, Botânica e Bioquímica e monitor das disciplinas de Microbiologia e Cito/Histologia.

Em agosto de 2018, iniciou o mestrado no Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola pela Universidade Federal de Viçosa, concentrando seus estudos na área de micologia (taxonomia e filogenia molecular de fungos cavernícolas) sob a orientação do Prof. Olinto Liparini Pereira.

RESUMO

DUTRA, Yan Lucas Gomes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2020. **Taxonomia e filogenia molecular de fungos da caverna Monte Cristo na Serra do Espinhaço Meridional (Diamantina - Minas Gerais). Orientador:** Olinto Liparini Pereira. **Coorientador:** André Wilson Campos Rosado.

A Serra do Espinhaço Meridional (SEM) é representada por uma faixa orogênica, pré-cambriana extensa e contínua do território brasileiro. Faixa orogênica é caracterizada por grandes estruturas formadas por rochas magmáticas e sedimentares pouco resistentes. A SEM possui um acervo geoespeleológico rico em formações rochosas diversas e inexplorado em termos microbiológicos. No Brasil, trabalhos sistemáticos de organismos cavernícolas começaram a ser realizados a partir da década de 1980. As cavernas são caracterizadas por temperaturas baixas a moderadas, alta umidade e disponibilidade de matéria orgânica. As características desse ambiente auxiliam no desenvolvimento microbiano, porém os microrganismos que ocorrem nas cavernas são pouco estudados. Esses microrganismos podem habitar transitoriamente ou ser residentes das cavernas. Quando habitam transitoriamente, os microrganismos desenvolvem em função da disponibilidade de matéria orgânica que adentra a caverna por meio de correntes de ar, fluxo de água, fluxo de sedimentos em insetos, morcegos ou trazidos pelo próprio homem. Enquanto aqueles residentes sobrevivem exclusivamente dos nutrientes que estão distribuídos por toda extensão da caverna. Este trabalho teve como objetivo efetuar um levantamento de fungos filamentosos em uma caverna da Serra do Espinhaço Meridional de Minas Gerais, a caverna Monte Cristo. Com base em análises filogenéticas combinadas das regiões gênicas ITS, ACT, TEF-1 α , GAPDH e RPB2 e por meio da caracterização morfológica um novo gênero de fungo pertencente à família Chaetomiaceae foi identificado e será proposto de acordo com o Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas. Adicionalmente, duas novas espécies pertencentes aos gêneros *Cladosporium* e *Curvularia* e três primeiros relatos, *C. anthropophilium*, *Cu. warrabererensis* e *Mucor variicolumellatus*, foram identificados nesse estudo. O presente trabalho corrobora com o conhecimento sobre a diversidade de espécies de fúngicas em cavernas no Brasil.

Palavras-chave: Micologia. Biodiversidade. Fungos cavernícolas. Sistemática.

ABSTRACT

DUTRA, Yan Lucas Gomes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, December, 2020. **Taxonomy and molecular phylogeny of fungi in the cave Monte Cristo of Serra do Espinhaço Meridional (Diamantina - Minas Gerais).** Advisor: Olinto Liparini Pereira. Co-advisor: André Wilson Campos Rosado.

The “Serra do Espinhaço Meridional” (SEM) is represented by an extensive and continuous pre-Cambrian orogenic band of the Brazilian territory. Orogenic band is characterized by large structures formed by magmatic and sedimentary rocks with little resistance. The SEM has a geospeleological collection rich in diverse rock formations and unexplored in terms of microbiology. In Brazil, systematic studies with cave organisms began to be carried out in the 1980s. Caves are characterized by low to moderate temperatures, high humidity and availability of organic matter. The characteristics of this environment supports microbiological development, however, microorganisms that occur in the caves have been little studied. These microorganisms can inhabit temporarily or be residents of the caves. When living temporarily, microorganisms develop according to the availability of organic matter that enters the cave through air currents, water flow, sediment flow in insects, bats or brought by the man himself. While cave dwellers survive exclusively on nutrients that are distributed throughout the length of the cave. Therefore, the caves are unique environments and host a high diversity of fungi unknown to science and with potential for biotechnological application. This study aimed to carry out a survey of filamentous fungi in caves of the Serra do Espinhaço Meridional in Minas Gerais state, the “Monte Cristo” cave. Based on combined phylogenetic analyses of the ITS, ACT, TEF-1 α , GAPDH and RPB2 gene regions and through morphological characterization a new genus of fungus belonging to the Chaetomiaceae family has been identified and will be proposed according to the International Nomenclature Code for Algae, Fungi and Plants. Additionally two new species belonging to the genera *Cladosporium* and *Curvularia* and three first reports, *C. anthropophilium*, *Cu. warrabererensis* and *Mucor variicolumellatus*, were also identified in this study. The present study corroborates with the knowledge of the diversity of fungal species in caves in Brazil.

Keywords: Mycology. Biodiversity. Cave fungi. Systematic.

SUMÁRIO

1. Introdução.....	9
2. Revisão de literatura	9
3. Objetivo Geral	13
4. Material e Métodos.....	13
4.1- Local de coleta.....	13
4.2- Métodos de Coletas	14
4.3- Isolamento dos fungos cavernícolas	17
4.4- Identificação molecular de fungos cavernícolas	18
4.5- Identificação dos fungos e análises filogenéticas.....	19
4.6- Estudos morfológicos.....	20
5. Resultados e Discussão.....	21
5.1- Taxonomia e filogenia	21
6. Conclusões.....	47
7. Referências bibliográficas.....	48

1. Introdução

A Serra do Espinhaço Meridional (SEM), segundo Eschwege (1822), é representada por uma faixa orogênica pré-cambriana extensa e contínua do território brasileiro. Constitui um conjunto de serras que se estende ao longo de 1.200 km e com dois setores bem individualizados: a porção setentrional- Chapada Diamantina e a porção meridional- totalmente inserida em Minas Gerais. A SEM possui um acervo geoespeleológico rico e inexplorado em formações rochosas quartzíticas (NORTHUP & LAVOIE, 2001). Em Santana do Riacho e Conceição do Mato Dentro foram catalogadas cerca de 500 cavidades em minério de ferro, mármore e quartzitos. Na região de Diamantina existem cerca de 20 registros de pesquisas em cavernas no Centro Nacional de Pesquisas e Conservação de Cavernas (CECAV). Devido a expansão das minerações de ferro e com a extração de quartzitos para rochas ornamentais, esse patrimônio espeleológico, praticamente ainda desconhecido, tem sido cada vez mais ameaçado. Para assegurar a preservação desse patrimônio ambiental, o Ministério Público e o Conselho de Política Ambiental (COPAM) tem exigido em processos de licenciamentos, como compensação ou condicionante ambiental, que os empreendedores invistam em projetos com temática em espeleologia da SEM.

2. Revisão de literatura

As cavernas, segundo Gabriel & Northup 2013, diferem-se dos habitats da superfície terrestre por serem ambientes em grande parte escuros, com temperaturas baixas a moderadas, alta umidade e escassez de matéria orgânica. As condições das cavernas podem ser afetadas por uma variedade de fatores, tais como o movimento da água (riachos ou infiltrações de água), correntes de ar, visitantes e quimiolitotrofia (HOSE *et al.* 2000, BARTON & JURADO, 2007; GABRIEL & NORTHUP, 2013, ORTIZ *et al.* 2014). Todos esses fatores podem contribuir para a comunidade microbiana em cavernas (OGÓREK *et al.* 2013).

A bioespeleologia é a ciência que estuda todos os organismos que vivem nas cavernas e as suas relações com o ambiente físico (DESSEN *et al.* 1980). No Brasil, trabalhos sistemáticos de organismos cavernícolas começaram a ser realizados a partir da década de 1980, obtendo-se levantamentos em várias regiões e descrevendo novas

espécies, além de estudos de ecologia, comportamento, morfologia e fisiologia de diversas populações (CHAIMOWICZ, 1984; CHAIMOWICZ, 1986; GODOY, 1986; ROCHA, 1994; ROCHA, 1995; TRAJANO, 1987; TRAJANO & GNASPINI, 1991; TRAJANO & MOREIRA, 1991; ZAMPAULO, 2010). Cavernas são ambientes pouco estudados dentro do ponto de vista microbiológico. Essas características, além da alta umidade, faz com que as cavernas sejam um ambiente único, com pressões evolutivas internas diferentes da pressão externa da superfície. O ambiente cavernícola é considerado um meio considerado estável e favorável para o desenvolvimento e o crescimento de microrganismos (TAYLOR, STOIANOFF, FERREIRA, 2013).

Apesar dos ambientes subterrâneos serem, historicamente, considerados estáveis em termos de biodiversidade e de biomassa, existe uma grande variedade de táxons presentes nesses ecossistemas, o que inclui desde bactérias, algas, fungos até grupos vegetais, além de invertebrados a vertebrados (GIBERT *et al.* 1994). A maioria desses grupos consiste de espécies que são pré-adaptadas as condições desses ecossistemas, alguns estão presentes na chamada zona afótica, que é caracterizada pela ausência de luz no interior da caverna. Sendo assim, os grupos que apresentam preferências por habitats caracterizados como úmidos, sombreados e que possuem uma nutrição generalista estão assim potencialmente aptos a colonizar e se estabelecer em tais ambientes (GIBERT *et al.* 1994).

A colonização de cavernas por microrganismos é, muitas das vezes, um processo natural e as cavernas possuem características ambientais únicas para o desenvolvimento dos microrganismos (SAIZ-JIMENES, 2012; TAYLOR *et al.* 2014). As cavernas que já estão expostas à visita, ou mesmo aquelas ainda desconhecidas pela humanidade, são colonizadas por vários microrganismos (SCHABEREITER-GURTNER *et al.* 2004).

As cavernas têm um microclima muito específico e isso determina alguns fatores importantes que influenciam na ocorrência de alguns fungos no interior das mesmas. Os microrganismos podem habitar transitoriamente (quando são transportados através de algum vetor) ou serem residentes das cavernas (BARTON & NORTHUP, 2007; ENGEL, 2007). Além do fluxo de ar, as condições no ambiente externo (como a estação do ano, a flora, a localização geográfica e a disponibilidade de matéria orgânica) podem interferir na microbiota do interior da caverna (OGORÉK *et al.* 2015). Entre as comunidades subterrâneas, algumas espécies de microrganismos são classificadas como decompositoras. Essas espécies têm o papel de reciclar a matéria orgânica presente no

solo, exercendo assim um importante papel ecológico saprofítico, além de mineralização e imobilização de nutrientes (SYLVIA *et al.* 2005).

Um dos tipos de recurso, tanto energético quanto alimentar, presente no interior da caverna vem quase todo do exterior da mesma, sendo determinante para a composição da fauna presente naquele local (FERREIRA, NONAKA, ROSA, 2000). Cavernas podem abrigar uma grande diversidade de fungos e esses fungos cavernícolas podem ser agrupados em patogênicos ou oportunistas em humanos, segundo Taylor, Stoianoff Ferreira (2013). Os gêneros *Aspergillus*, *Paecilomyces*, *Purpureocillium*, *Fusarium*, *Mucor* e *Trichoderma* são fungos filamentosos comumente isolados de cavernas que também são relatados como grupos de fungos infecciosos a humanos (ARMSTRONG, 1993; PFALLER & DIEKEMA, 2004; TRABULSI & ALTERTHUM, 2004). Outras espécies de fungos cavernícolas são saprófitas do solo e possui ampla distribuição (SHAPIRO & PRINGLE, 2010).

Nas cavernas, os fungos são responsáveis por fazerem a reciclagem de nutrientes em seu interior, por abrigarem bactérias, que alimentam de micélios e esporos, além de nematóides e outros organismos que se alimentam dos corpos de frutificação. Sendo assim, constituem um elo crucial na cadeia alimentar (CULVER, 1982; PEDRO & BONONI, 2007). Alguns trabalhos têm demonstrado que existem muito mais fungos e bactérias que são encontrados com uma maior frequência no solo da caverna do que nas paredes, em virtude do depósito de matéria orgânica no local (VANDERWOLF *et al.* 2013). A diversidade de fungos é influenciada pela atividade antrópica.

Em alguns estudos recentes, os autores demonstraram que as cavernas abrangem grande diversidade de fungos. Em uma pesquisa sobre a “Lechuguilla Cave” (Novo México, EUA), nove gêneros fúngicos foram encontrados, como *Aspergillus* e *Penicillium* considerados os gêneros mais comuns (CUNNINGHAM *et al.* 1995). No estudo de Nagai e colaboradores (1998) investigaram os fungos alcalofílicos e tolerantes a álcalis em duas cavernas de calcário no Japão, e obtiveram 52 espécies. Já Koilraj (1999) investigaram seis cavernas na Índia e isolaram 35 fungos pertencentes a 18 gêneros.

Algumas peculiaridades do ambiente cavernícola fazem com que esse local torne-se tão especial para alguns grupos de seres vivos, que passaram a viver em seu interior há milhares de anos, que de tão especializados, eles são incapazes de viver fora desse habitat. Em relação a esses organismos, podemos observar um variado grau de especialização que

permitiu a adaptação ao ambiente (ZAMPAULO, 2010). O processo de colonização das cavernas por microrganismos é um processo natural e que possuem algumas características ambientais únicas para o seu desenvolvimento (SAIZ-JIMENES, 2012; TAYLOR *et al.* 2014). As cavernas que são expostas à visitação, ou mesmo aquelas que ainda não foram descobertas pela humanidade, são colonizadas por microrganismos (SCHABEREITER-GURTNER *et al.* 2004). Os fungos no ar, provenientes do ambiente externo a caverna, podem penetrar as cavernas através da entrada, indicando o papel da atmosfera como um veículo para o transporte e a dispersão de microrganismos no ar, além de nutrientes para dentro das cavernas (SAIZ-JIMENES, 2012).

As condições do microclima das cavernas cársticas são favoráveis ao desenvolvimento de fungos, que desempenham um papel importante dentro da caverna como decompositores ou parasitas, além de serem a principal fonte de alimento para outros organismos (BURFORD *et al.* 2003; SUSTR *et al.* 2005; GORBUSHINA, 2007). Geralmente, esses fungos são residentes do solo e são transferidas para cavernas por meio do vento, água, vertebrados ou invertebrados. Esses microrganismos se estabelecem em vários substratos específicos nesses ecossistemas subterrâneos como: guano de morcego, cadáveres de troglóbiontes e troglófilos (animais que se especializaram para a vida dentro de cavernas), espeleotemas, rochas e minerais, restos de plantas da superfície (NOVAKOVA, 2009; SOUZA-SILVA *et al.* 2012; VANDERWOLF *et al.* 2013; PROUS *et al.* 2015; PFENDLER *et al.* 2019).

Esses microrganismos podem habitar transitoriamente ou serem residentes das cavernas. Os fungos caracterizados como residentes das cavernas sobrevivem exclusivamente dos nutrientes que estão distribuídos por toda caverna, diferente dos fungos transitórios, que só se desenvolvem em função da disponibilidade de matéria orgânica que penetra a caverna por meio de correntes de ar, fluxo de água, fluxo de sedimentos, em insetos, morcegos ou trazidos pelo próprio homem (BARTON & NORTHUP, 2007; ENGEL, 2007). Muitos microrganismos cavernícolas estão envolvidos em diversos processos geológicos como os processos do intemperismo da rocha (GALDENZI *et al.* 2008, GUNDECIMERMAN, 1998; NORTHUP & LAVOIE, 2001). Alguns estudos mais abrangentes estão voltados para a identificação de espécies comuns ou abundantes e o seu papel nos ciclos biogeoquímicos (SAIZJIMENES, 2012).

A distribuição dos fungos não ocorre de forma uniforme em uma caverna. Sua distribuição é influenciada muitas vezes pela suscetibilidade dos hospedeiros e pelas

condições do ambiente, a citar como exemplo: pH, umidade, temperatura, disponibilidade de água e de nutrientes (VANDERWOLF *et al.* 2013). Seguindo Vanderwolf *et al.* (2013), o substrato que obteve o maior número de isolados foi o de sedimento de solos. O ar também tem sido muito estudado atualmente, tendo em vista a preocupação da qualidade do ar dentro das cavernas.

Os estudos sobre a diversidade fúngica em cavernas são escassos em nosso país. Pesquisadores de todo o mundo reconhecem a importância de conhecer a diversidade dos fungos nos países tropicais e subtropicais, locais onde encontra-se um grande número de espécies ainda desconhecidas pela ciência (HAWKSWORTH, 2000; RINALDI *et al.* 2008).

3. Objetivo Geral

Efetuar um levantamento de fungos filamentosos em uma caverna da Serra do Espinhaço Meridional de Minas Gerais, caverna Monte Cristo.

4. Material e Métodos

4.1- Local de coleta.

As coletas foram realizadas na caverna Monte Cristo, no município de Diamantina, localizada no estado de Minas Gerais-MG, a aproximadamente 294 km da capital Belo Horizonte.

A caverna Monte Cristo está inserida no município de Diamantina/MG e dentro do Supergrupo Espinhaço representa o principal conjunto litoestratigráfico, em termos de volume e expressão orográfica da Serra do Espinhaço Meridional (SEM). Esse Supergrupo é composto, principalmente, por quartzitos e, subordinadamente, por metassiltitos, metaconglomerados, filitos e metavulcanitos (ALMEIDA ABREU; PFLUG, 1994). Segundo Braga *et al.* (2011a e 2011b), é caracterizada como uma cavidade predominantemente horizontal e que possui desenvolvimento linear, possui duas entradas e ainda apresenta zonas fótica, afótica e de penumbra. A Gruta Monte Cristo apresenta duas entradas, sendo uma ampla em termos de altura (5m) e extensão (31m) e

outra com altura de 0,5m e largura de 0,7m. A cavidade é composta por dois salões caracterizados em alguns trechos pela presença de teto e piso suavemente inclinados e outros segmentos com piso horizontalizado (Fig. 2).

4.2- Métodos de Coletas

- Coletas de amostras do solo

Para a coleta dos materiais, foram escolhidos locais aleatórios no interior da caverna. Sendo assim, de cada local escolhido, foram coletadas 3 amostras de solo, duas próximas a cada uma das paredes e uma na região mediana. O solo da região escolhida foi coletado em cerca de 1-5 cm de profundidade após a remoção de 0,5 cm da camada superficial do solo.

- Coletas de amostras de esporos presente no ar

Para esse tipo de coleta foi utilizado o método de sedimentação de Koch (KUZMINA *et al.* 2012). Sendo assim, placas de Petri de 90x15 mm contendo meio de cultura BDA (Batata Dextrose Agar- Sigma Aldrich) esterilizadas, foram espalhadas por pontos aleatórios, dispostos sobre a superfície do solo/rocha e expostas por 15 minutos para que os microrganismos presentes no ar possam depositar diretamente sobre a superfície do meio de cultura, sobre efeito da gravidade (CARMO *et al.* 2007).

- Coletas de amostras de rochas

Fragmentos de rocha de diferentes locais foram coletados utilizando o martelo geológico e acondicionados em sacos de papel, de acordo com Ruibal *et al.* (2005).

- Coletas de amostras de guano

Um fragmento encontrado de guano de morcego foi coletado e acondicionado em tubo Falcon.

Todas as amostras coletadas permaneceram armazenadas cuidadosamente e conduzidas até o Laboratório de Micologia e Etiologia de Doenças Fúngicas de Plantas da Universidade Federal de Viçosa - Viçosa- MG.

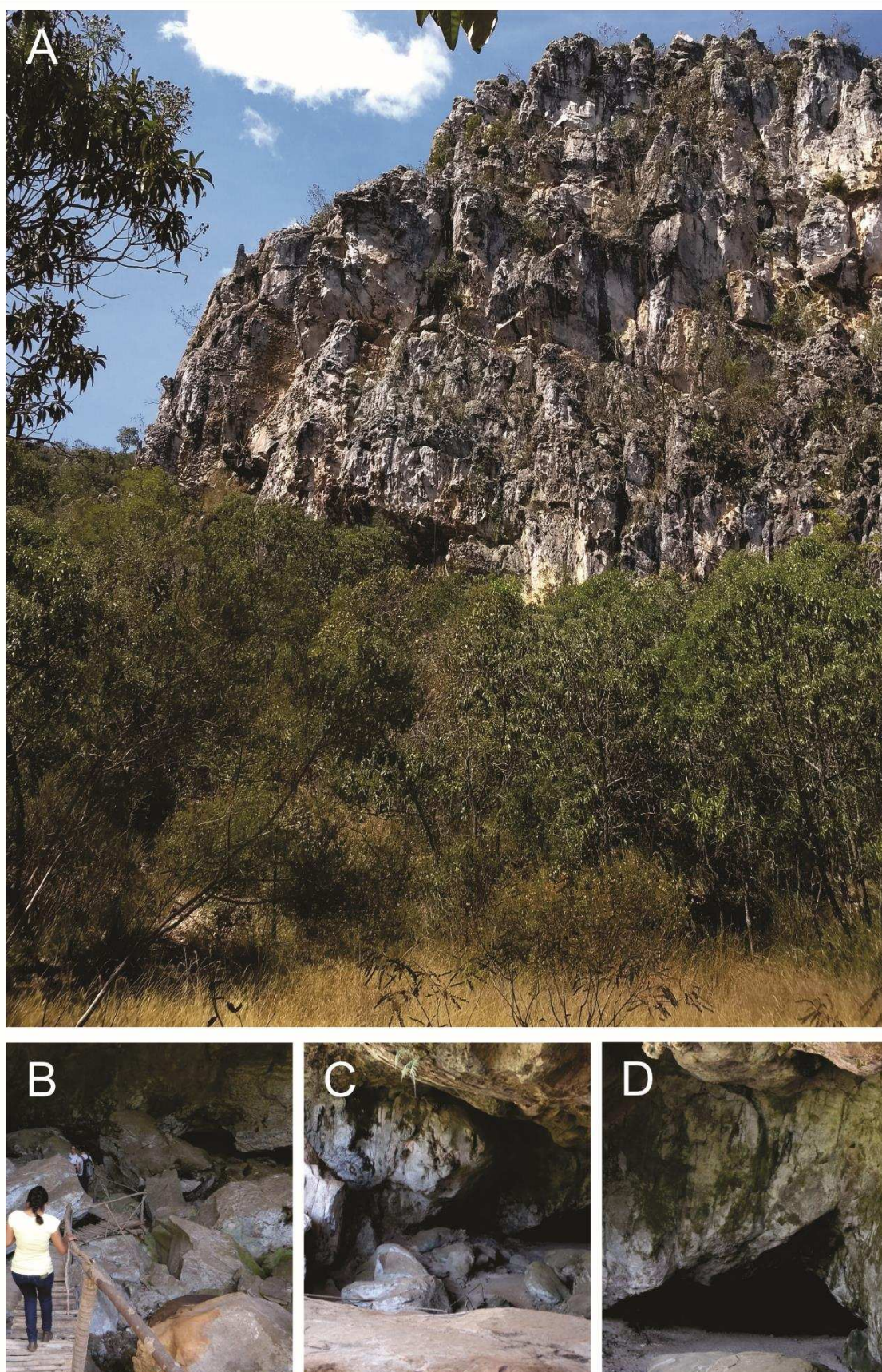


Figura 1. Caverna Monte Cristo. **A.** Visão geral da formação rochosa de onde a caverna se localiza e presença da vegetação nativa do local; **B.** Acesso para a entrada da caverna; **C-D.** Visão geral da entrada principal da caverna.

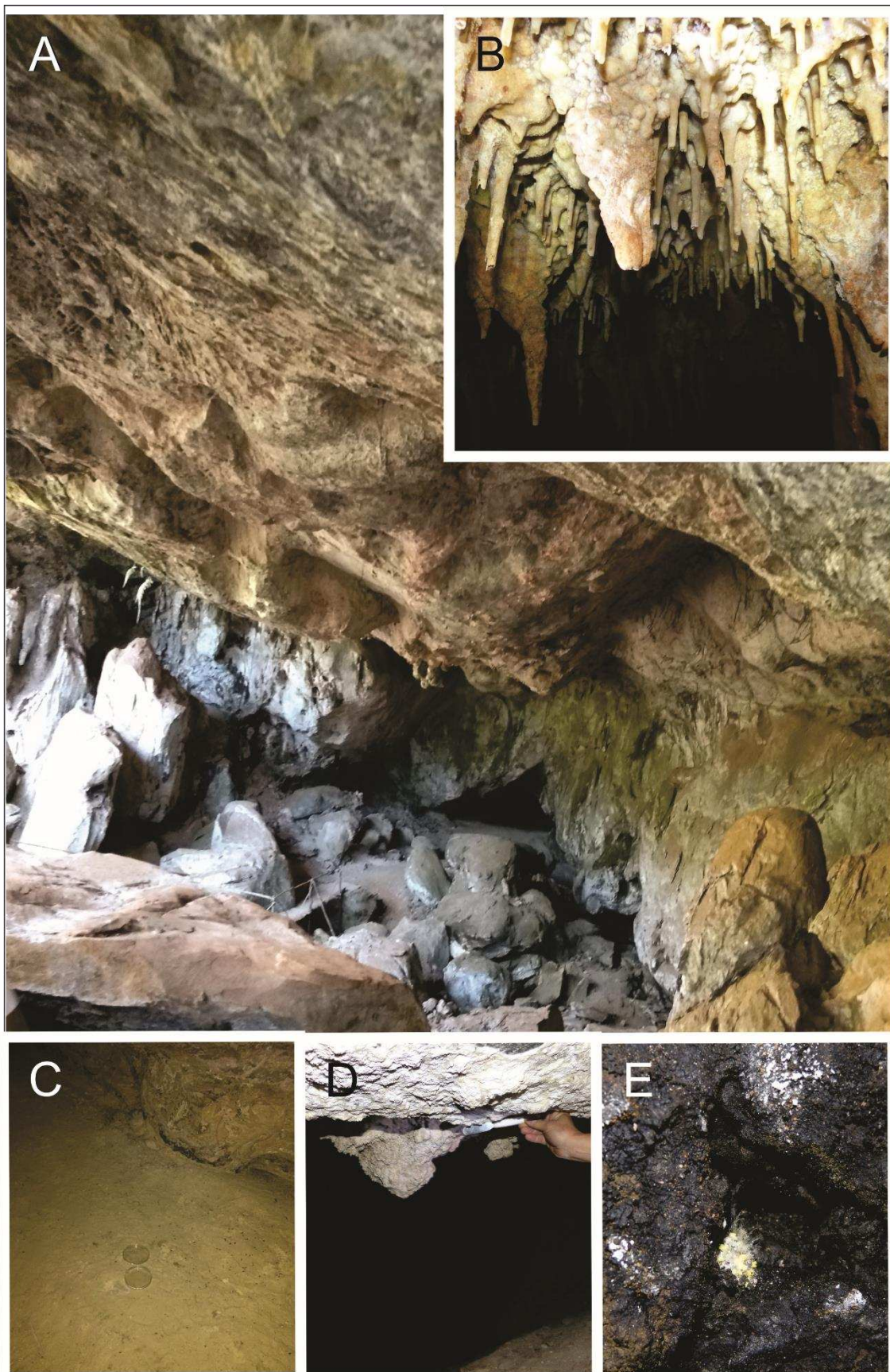


Figura 2. Caverna Monte Cristo. **A.** Entrada principal da caverna; **B.** Espeleotemas; **C.** Placas de petri expostas para coletas de fungos anermófilos; **D.** Coletas de espeleotemas; **E.** Presença de guano de morcego.

4.3- Isolamento dos fungos cavernícolas

- Fungos do Solo

Os fungos foram isolados utilizando método de diluição seriada em placas (TORTORA *et al.* 2012). Um grama de cada amostra de solo foi suspenso em 9 mL de água esterilizada em um tubo esterilizado de 20 mL. Os tubos foram agitados em vortex e a suspensão foi diluída em diferentes concentrações (10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3} e 10^{-4}). Duzentos microlitros de suspensão de cada concentração foram espalhados sobre placas contendo BDA pelo método de “Spread Plate”. Dois antibióticos, cloranfenicol e rifamicina (50 $\mu\text{g/mL}$), foram utilizados. Para cada diluição foi realizada três réplicas. As placas foram incubadas em aerobiose por até quinze dias a temperatura de 26°C. Uma amostra em específico de guano de morcego sobre o solo foi coletada e através de isolamento direto foram obtidos dois isolados.

- Fungos do ar

Para realizar as análises das amostras dos fungos isolados do ar, as placas permaneceram incubadas a temperatura ambiente, por 2 a 7 dias. Após incubação, as colônias foram repicadas isoladamente para outra placa de Petri contendo BDA e incubadas a temperatura ambiente por um período de 7 a 10 dias no escuro.

- Fungos de rocha

Para o isolamento de fungos em rocha, primeiramente as rochas foram lavadas com etanol 95% por 1 minuto para eliminar contaminações superficiais, seguido por lavagem em água autoclavada contendo uma solução de 0.1% de Tween 20. Os fragmentos pequenos das rochas foram moídos, com o auxílio de um almofariz e um pilão esterilizados, e suspensos com adição de água destilada autoclavada na concentração de 10^{-1} . Dois diferentes volumes de suspensão de pó de rocha moídos foram utilizados para plaqueamento pelo método “Spread Plate” em 3 placas de BDA contendo rifamicina (50 $\mu\text{g/mL}$) e estreptomicina (50 $\mu\text{g/mL}$) (RUIBAL *et al.* 2005; COLLADO *et al.* 2007 e ZHANG *et al.* 2017).

- Fungos do guano

Para realizar o isolamento de fungos encontrados no guano de morcego foi empregado a técnica de Isolamento Direto para placas com meio BDA e logo após essas amostras permaneceram incubadas por 7-14 dias.

Todos os isolados de fungos filamentosos foram quantificados, purificados, codificados sequencialmente e preservados. Para preservação, 4 discos de 5mm da parte marginal das colônias foram cortadas e armazenadas em microtubos com solução de glicerol 10%. As colônias também foram armazenadas pelo método de armazenamento em Sílica Gel em frascos de penicilina e em tubos com meio de cultura (BDA) inclinado.

Os isolados obtidos durante o projeto foram depositados na coleção de fungos do Laboratório de Micologia e Etiologia de Doenças Fúngicas de Plantas do Departamento de Fitopatologia (UFV) e também depositados na “Coleção Octávio Almeida Drummond” (COAD) e HERBARIO VIC, ambas as coleções pertencentes a Universidade Federal de Viçosa, Viçosa- MG.

4.4- Identificação molecular de fungos cavernícolas

O DNA genômico dos fungos isolados foram extraídos do micélio, obtidos através de isolamento monospórico ou pelo método de ponta de hifa, previamente crescidos em placas com meio BDA+ celofane à 25°C por 7 dias ou dependendo da taxa de crescimento do isolado. Para isso, o micélio foi macerado em microtubos utilizando o L-Beader-6 (Disruptor de Células). O DNA foi extraído utilizando o kit de purificação de DNA genômico da Promega (“Wizard Genomic DNA Purification Kit”).

A região ITS (Internal Transcribed Spacer) foi amplificada por PCR (Polymerase Chain Reaction) utilizando os respectivos pares de oligonucleotídeos ITS (ITS5 e LR6) (WHITE *et al.* 1990). A reação de PCR da região ITS foi realizada com 12,5 µL de DNA Polimerase Dream Taq TM PCR Master Mix 2X (MBI Fermentas, Vilnius, Lithuania), 1 µL de cada primer “forward” e “reverse”, 5 µL de BSA (Bovine serum albumin), 1 µL de DMSO (Dimethyl sulfoxide), 2,5 µL de água livre de nuclease e 2 µL de DNA genômico (25 ng/µL). O controle negativo (branco) foi feito utilizando água livre de nuclease, ao invés do DNA genômico. A amplificação foi realizada com uma desnaturação inicial de 95 °C por 5 min, seguida por 35 ciclos de desnaturação a 95 °C por 1 min, “annealing” a 49 °C por 2 min, extensão inicial a 72 °C por 2 min e uma extensão final a 72 °C por 10 min.

Para as regiões específicas dos isolados, tais como fragmentos parciais da gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase- GAPDH (primer *gpd1* e *gpd2*), os genes do fator de alongação da tradução 1- α - TEF1 (728F e 986R), actina-ACT (512F e 783R) e sub unidade II da RNA Polimerase- RPB2 (5F e 7cR) foram utilizados 18 μ L de DNA Polimerase Platinum Taq, 0,4 μ L de cada primer respectivamente “forward” e “reverse” e 1,2 μ L de DNA genômico (20 ng/ μ L). O controle negativo (branco) também foi realizado para essas combinações específicas. A amplificação da região RPB2 foi realizada com uma desnaturação inicial a 94 °C por 2 min, seguida por 35 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 segundos, o “annealing” das regiões GAPDH, TEF1- α , ACT e RPB2 foi de 54°C, 55°C, 58°C, 52 °C, respectivamente, por 30 segundos e extensão inicial a 72 °C por 2 min.

Os produtos de PCR, de todas as regiões, foram analisados por eletroforese em gel de agarose a 2% corados com GelRed™ (Biotium Inc., Hayward, CA, U.S.A.) em tampão TAE (1 \times) e visualizados sob luz UV, no Fotodocumentador L-Pix, para a verificação da pureza e o tamanho dos fragmentos. Os produtos da amplificação foram purificados e sequenciados pela Macrogen Inc., Coreia do Sul.

As sequências de nucleotídeos foram visualizadas com o software FinchTV v.1.4.0 (Geospiza Inc.). Todas as sequências foram verificadas manualmente e serão disponibilizadas no banco de dados GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). As novas sequências foram comparadas com o GenBank utilizando a ferramenta megaBLAST. Sequências de culturas tipo ou de isolados de referência, a exemplo das culturas CBS, foram obtidas do GenBank e incluídas nas análises filogenéticas para identificação dos isolados.

4.5- Identificação dos fungos e análises filogenéticas

Os fungos isolados foram identificados com base nas características morfológicas e nas sequências das regiões ITS, a princípio. O algoritmo BLAST (ALTSCHUL *et al.* 1997) foi utilizado para selecionar sequências de nucleotídeos armazenadas no banco de dados do NCBI (GenBank; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) que apresentem elevada similaridade com as sequências dos fungos isolados.

Cada análise filogenética consistiu em um alinhamento contendo espécies dos gêneros identificados previamente e uma espécie pertencente a outro gênero próximo, a

qual foi o membro externo (táxon “outgroup”) para cada região/gene. As sequências foram alinhadas utilizando o algoritmo MUSCLE® (EDGAR, 2004) existente no software MEGA v. 7 (KUMAR *et al.* 2016). O alinhamento resultante foi depositado no TreeBase (<http://www.treebase.org/treebase-web/user/submissionList.html>).

O melhor modelo de substituição de nucleotídeos para cada região ou gene foi determinado utilizando o ModelTest 2.1.7 (DARRIBA *et al.* 2012), de acordo com os valores de verossimilhança. As análises de Inferência Bayesiana (IB) empregando o método da Cadeia de Markov Monte Carlo (MCMC) foram realizadas com todas as sequências para cada região ou gene individualmente e depois com as sequências concatenadas (ITS, TEF1- α , GAPDH e RPB2). As análises filogenéticas foram realizadas no portal CIPRES (Science Gateway V. 3.3 (MILLER *et al.* 2015) utilizando o software MrBayes (3.2.7a) Quatro cadeias MCMC foram conduzidas simultaneamente, iniciando de árvores aleatórias até 10.000.000 gerações. As árvores foram amostradas a cada 1.000 gerações, resultando em 10.001 árvores. As primeiras 2.500 árvores foram descartadas como a fase “burn-in” de cada análise. Os valores de probabilidade posterior (RANNALA & YANG, 1996) foram determinados da árvore consenso que será gerada a partir das árvores remanescentes. A árvore foi visualizada no FigTree (RAMBAUT, 2016) e exportada para programas gráficos.

4.6- Estudos morfológicos

Um isolado representativo de cada clado identificado nas análises filogenéticas foi utilizado para a caracterização morfológica. Os isolados foram repicados para três meios diferentes (SAMSON *et al.* 2010): SNA ágar, OA- oatmeal agar (aveia ágar), ágar batata cenoura (BCA), ágar extrato de malte (MEA, Oxoid) e incubado no escuro a 25°C por 7 dias.

Microculturas foram montadas e incubadas por 7-14 dias a uma temperatura de 26°C e após a esporulação foi realizada a confecção manual de lâminas em lactoglicerol para visualização em microscópio de luz (OLYMPUS CX 31). Imagens foram obtidas através de um microscópio de luz, Olympus BX 53, equipado com uma câmera digital (OLYMPUS Q-Color5™). Pelo menos, trinta medições de todos os caracteres morfológicos relevantes, tais como conidióforos, células conidiogênicas e conídios,

foram realizadas utilizando o software cellSens Dimension 1,9 (OLYMPUS), para confirmar a identificação da espécie.

Com base nos dados moleculares e auxílio de chaves dicotômicas os gêneros foram identificados. Após a determinação do gênero, a descrição morfométrica dos isolados foi comparada às descrições de espécies já descritas para a confirmação da espécie (quando possível apenas por morfologia).

5. Resultados e Discussão

Um total de 115 isolados de fungos filamentosos foram obtidos, sendo: 53 provenientes do ar, 55 provenientes do solo, 5 provenientes de rocha e 2 provenientes de guano de morcegos. Para identificação à nível de espécie, foram selecionados os gêneros pertencentes ao filo Zygomycota e os representantes pigmentados do filo Ascomycota e com presença de estruturas reprodutivas, representados por um total de 9 isolados pertencentes aos gêneros *Chaetomium*, *Curvularia*, *Cladosporium* e *Mucor* (Tabela 1).

Quadro 1: Número total de isolados obtidos.

ISOLADOS	CÓDIGO (CDA)	GÊNERO	SUBSTRATO	COAD
MCA 27A	2627	<i>Curvularia</i>	ar	3107
MCA 32C	2632	<i>Cladosporium</i>	ar	3108
MCA 36D	2633	<i>Curvularia</i>	ar	3109
MCG 38.2	2635	<i>Chaetomium</i>	guano	3110
MCS 16D ⁽¹⁰⁻³⁾	2652	<i>Chaetomium</i>	solo	3113
MCS 11D ⁽¹⁰⁻¹⁾	2719	<i>Cladosporium</i>	solo	3116
MCG 38.1	2738	<i>Mucor</i>	guano	3117
MCA 29A	2739	<i>Curvularia</i>	ar	3118
MCS 11E ⁽¹⁰⁻¹⁾	2796	<i>Chaetomium</i>	solo	3119

5.1- Taxonomia e filogenia

Isolados COAD 3110 e COAD 3113 (propostos como gênero novo).

Sordariomycetes, Sordariales, Chaetomiaceae

Hifas hialinas, septadas, ramificados e lisas. Conídios formados em células conidiogênicas não especializadas, semelhantes as hifas, marrom escuro nas bordas e mais claro no interior, lisos e asseptados. Estrutura reprodutiva sexuada não observada.

Isolados COAD 3110 e COAD 3113 (a ser proposto como uma espécie nova) (Fig. 3)

Hifas hialinas, septadas, ramificadas, lisas, 1,65-4,0 μm de diâmetro. Conídios marrons quando maduros, ovais, de parede espessa, truncado na base, ápice arredondado, 12,0-18,0 \times 12,0-18,0 μm , com poro germinativo apical.

Características da cultura: Colônias em OA com borda inteira, espalhando-se rapidamente, alcançando 27 mm de diâmetro em 7 d a 25° C, com hifas aéreas de cinza escuro a negras. Colônias em MEA com uma borda inteira, alcançando 50 mm de diâmetro em 7 d a 25° C, hifas aéreas de cinza escuro a negras.

Materiais examinados: Brasil• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Caverna Monte Cristo; material: guano de morcego e solo. VIC 47486 (material herborizado), COAD 3110 (Sílica gel e glicerol).

Brasil• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: guano de morcego e solo. COAD 3113 (Sílica gel e glicerol).

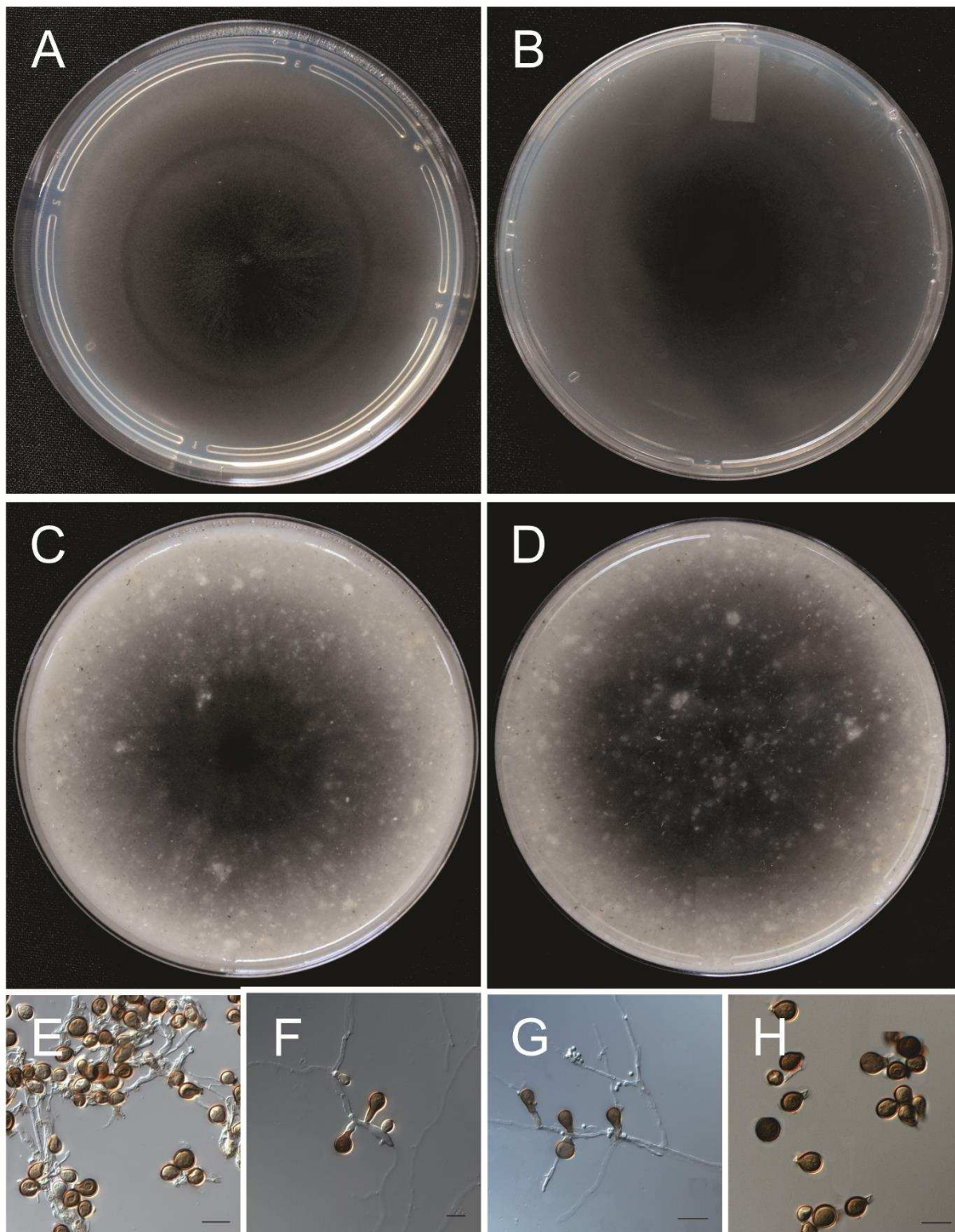


Figura 3: Chaetomiaceae (COAD 3110) **A-B.** Colônia em meio MEA; **C-D.** Colônia em meio OA; **E-G.** Hifas, conidióforos e conídios; **H.** Conídios. Barras: 10 μm.

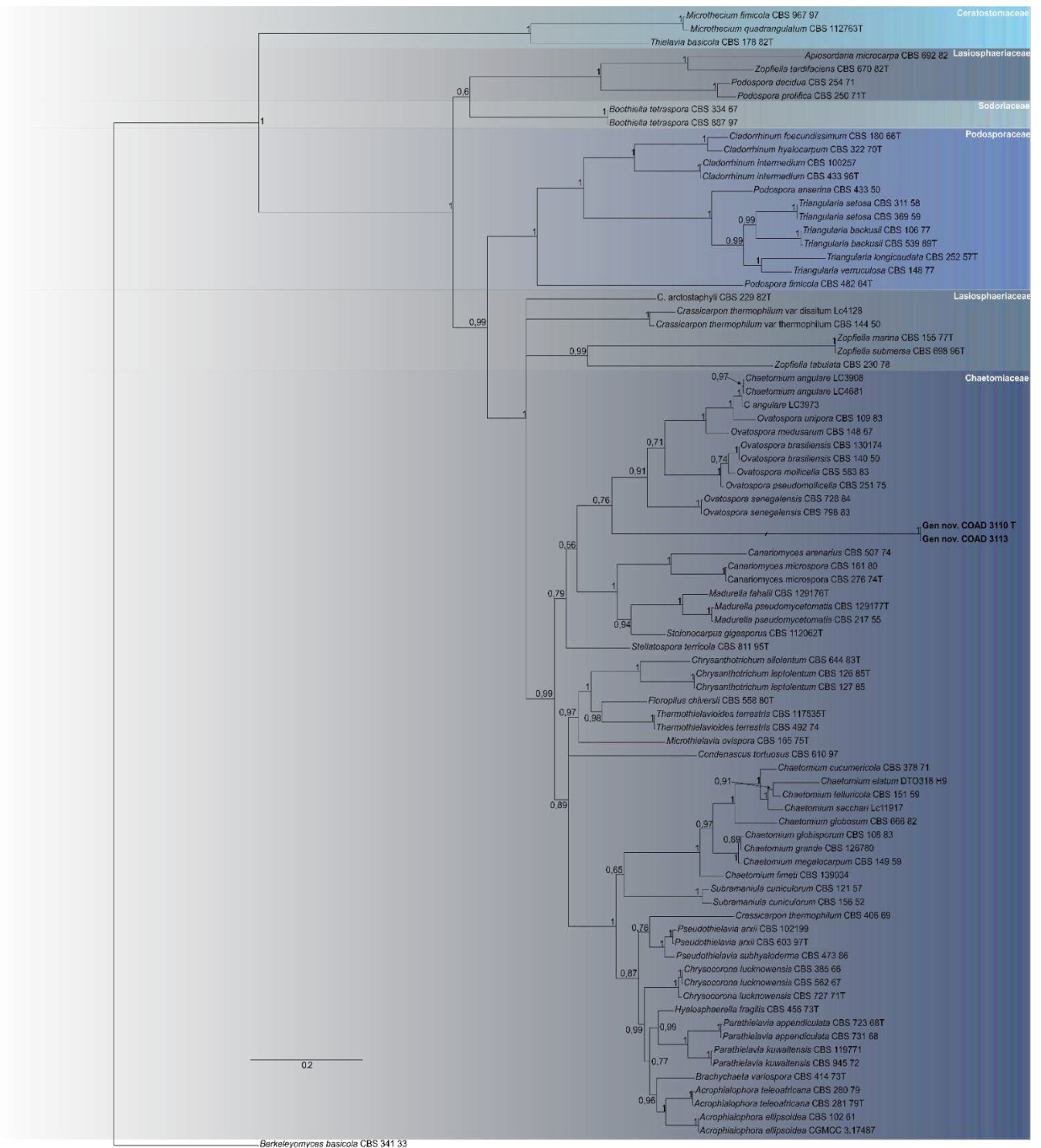


Figura 4: Árvore filogenética concatenada de representantes pertencentes a ordem Sordariales obtida pelo método de Inferência Bayesiana utilizando sequências das regiões gênicas ITS e RPB2. Os valores de probabilidade posterior são indicados próximos aos nós. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito. A árvore foi enraizada com o *ex-type* de *Berkeleyomyces basicola* (CBS 341 33).

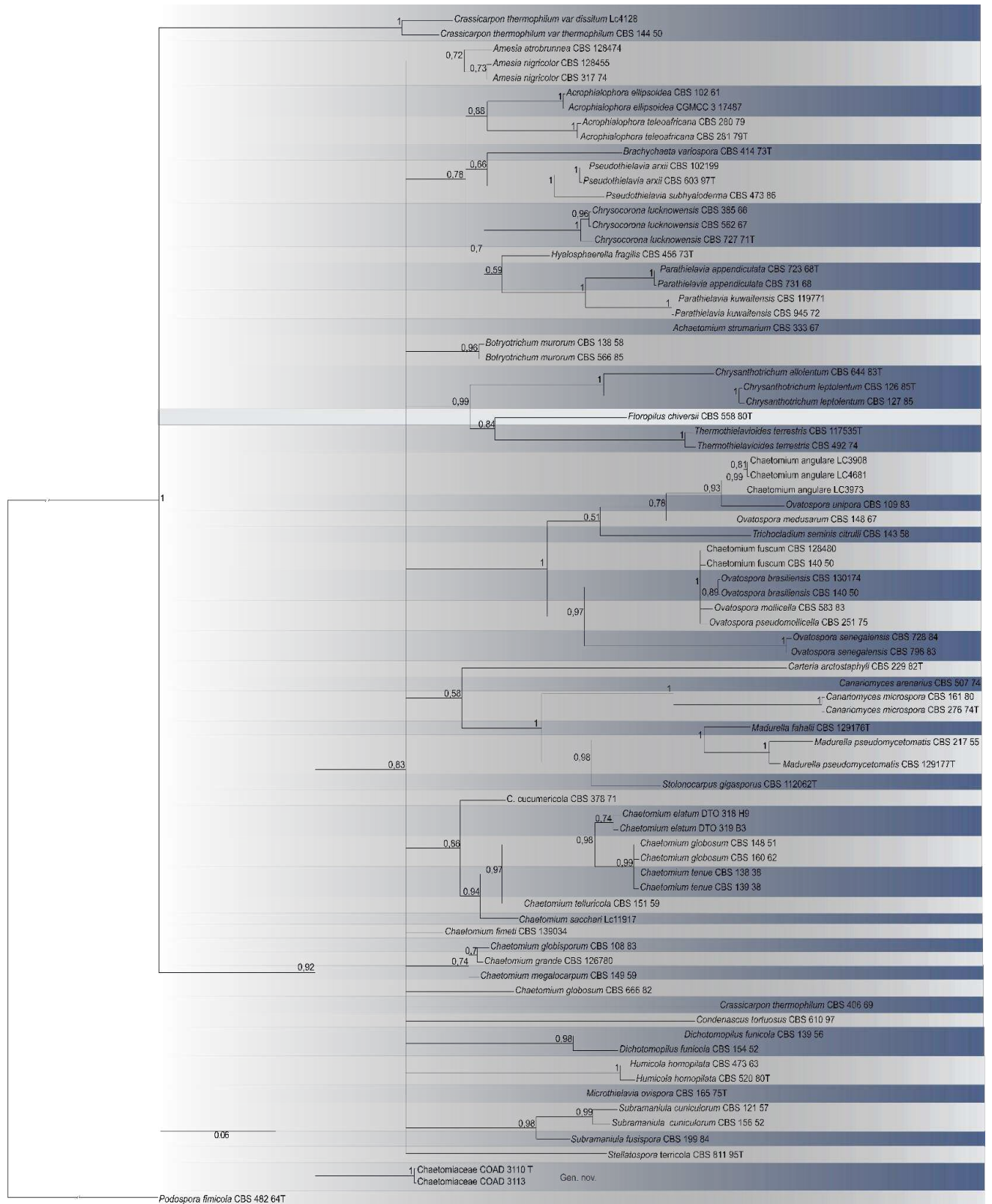


Figura 5: Árvore filogenética concatenada dos principais de gêneros dentro da família Chaetomiaceae obtida pelo método de Inferência Bayesiana utilizando sequências das regiões gênicas ITS e RPB2. Os valores de probabilidade posterior são indicados próximos aos nós. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito. A árvore foi enraizada com sequências do *ex-type* de *Podospora fimicola* (CBS 482.64).

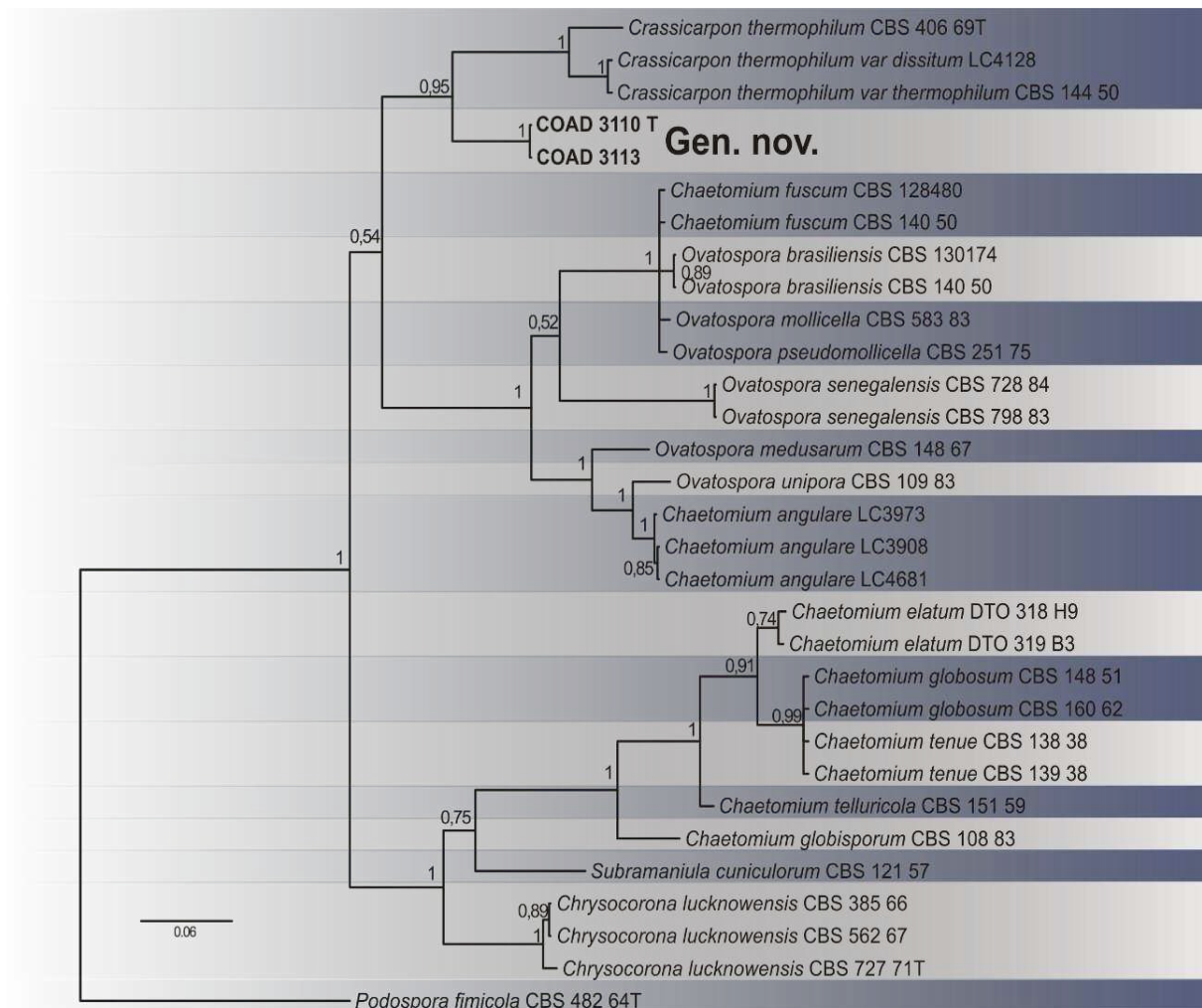


Figura 6: Árvore filogenética concatenada com representantes dos principais de gêneros dentro da família Chaetomiaceae obtida pelo método de Inferência Bayesiana utilizando sequências das regiões gênicas ITS e RPB2. Os valores de probabilidade posterior são indicados próximos aos nós. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito. A árvore foi enraizada com o *ex-type* de *Podospira fimicola* (CBS 482 64).

O gênero *Chaetomium* foi descrito em 1817 por Gustav Kunze e segundo Rodriguez *et al.* (2002) é um dos maiores grupos de Ascomycota saprofíticos, com mais de 300 espécies, pertencente à classe Sordariomycetes, ordem Sordariales, família Chaetomiaceae. Está presente principalmente no solo, serapilheira e plantas (rizosfera) (PROKHOROV & LINNIK, 2009). As espécies do gênero *Chaetomium* são capazes de colonizar vários substratos e também são conhecidos por sua capacidade de degradar celulose e de produzir uma variedade de metabólitos bioativos. Algumas dessas espécies foram descritas como importantes alérgenos inalantes, como por exemplo, sintomas de rinite e asma, devido a produção de micotoxinas (compostos orgânicos voláteis

microbianos), bem como a liberação de ascósporos e fragmentos de hifas no ambiente (GONIANAKIS *et al.* 2005; APETREI *et al.* 2009; POLIZZI *et al.* 2009; MASON *et al.* 2010; ANDERSEN *et al.* 2011; MILLER & MCMULLIN. 2014). O gênero *Chaetomium* é caracterizado pela presença de peritécios formados superficialmente circundados por pêlos ascomatais longos, escuros e rígidos. As espécies de *Chaetomium* são diferenciadas por características morfológicas tais como: o tipo de pêlo ascomatal ereto, flexuoso ou globoso enrolado (UDAGAWA, 1979); característica da colônia (PETCHARAT & SOYTONG, 1991); ascoma ostiolado com parede peritecial membranácea coberto por pelos relativamente bem desenvolvidos; asco evanescente e unicelular, ligeiramente fusiforme ou clavado; ascósporo limoniforme ou ovalado com um poro germinativo apical (WANG *et al.* 2016) (AMES, 1963; VON ARX *et al.* 1986).

Com base nas análises filogenéticas preliminares, os isolados COAD 3110 e COAD 3113 agruparam-se com membros da ordem Sordariales, mais especificamente como pertencentes à família Chaetomiaceae (Fig. 4). Entretanto, quando inseridos nas análises incluindo diferentes gêneros de Chaetomiaceae (Fig. 5) e diferentes espécies pertencentes ao gênero *Chaetomium sensu stricto* e gêneros afins como *Amesia*, *Ovatospora*, *Humicola* e *Thielavia* (Fig 6), os isolados agruparam-se separadamente de todos os gêneros descritos de Chaetomiaceae, com base nessas análises, os isolados COAD 3110 e COAD 3113 serão descritos como pertencente a um gênero novo dentro de Chaetomiaceae. Os isolados a serem propostos com pertencentes a um gênero novo agruparam formando um clado irmão com *Crassicarpon thermophilum* (Fig. 6). Entretanto, *C. thermophilum* forma conídios hialinos, tornando-se rosa e posteriormente marrom escuros, presença de fase sexuada (FERGUS & SINDEN), ao contrário de COAD 3110 e COAD 3117 que possuem conídios totalmente em um tom de marrom claro a marrom escuro. O possível gênero novo é morfológicamente semelhante aos gêneros *Ovatospora* e *Humicola*, entretanto diferencia-se filogeneticamente destes (Fig. 6).

Cladosporium sp. COAD 3108 (a ser proposto como nova espécie)

Dothideomycetes, Capnodiales, Cladosporiaceae.

(Fig. 7)

Micélio superficial e imerso, composto e septado, ramificado, 1,05-4,40 μm de largura, sub-hialino a marrom claro, liso e com paredes espessas, hifas com anastomose em sua maioria. Conidióforos eretos, cilíndricos, não nodulares, geniculados, septados,

geralmente ramificado, de 17,24-62,97 μm comprimento e 1,20-4,61 μm de largura, marrom-claro a marrom-escuro, ligeiramente ásperos para verruculosos em direção à base. Células conidiogênicas terminais e intercalares, cilíndricas ou subcilíndricas, 3,48-18,50 \times 1,10-4,19 μm , frequentemente com um ápice inchado, locos conidiogênicos espessados e escurecidos; ramoconídios não septados, cilíndricos, 1,77-11,27 \times 0,51-3,08 μm , marrom-claro, lisos, com cicatrizes conidiais protuberantes; conídios formando cadeias curtas e ramificadas, liso, reticulado; terminal pequeno de conídios oval a elipsoidal, 1,51-7,29 \times 0,99-3,32 μm , sub-hialino; ramoconídios secundários elipsoidal a subcilíndrica, geralmente atenuada na centro, 2,46-12,16 \times 1,34-4,81 μm .

Característica da cultura: Colônias em meio BDA atingindo uma média de 23,67 mm de diâmetro após 14 dias a 25° C, verde oliva nas bordas e verde-acinzentados em seu interior, plano ou dobrado, algodinoso, micélio aéreo abundante; reverso: tom de cinza claro para marrom bem escuro. No SNA atingindo uma média de 17,87 mm após 14 dias em 25° C, cinza-esverdeado em suas bordas a um cinza-escuro em seu interior, aveludado a granuloso, micélio aéreo escasso, reverso: tom de cinza escuro para cinza quase preto.

Material examinado: BRASIL• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: ar. VIC 47485 (material herborizado), COAD 3108 (Sílica gel e glicerol).

Cladosporium anthropophilium Sandoval-Denis, Gené & Wiederhold, Persoonia (2016) (Fig. 8)

Conidióforos eretos, cilíndricos, não nodulares, geniculado, septado, geralmente ramificado, de 22,99-70,62 μm comprimento e 2,78-7,37 μm de largura, sub-hialino, ligeiramente áspero para verruculose em direção à base, com espessamento e refração parede. Células conidiogênicas terminais e intercalares, cilíndricas ou subcilíndrico, 12,40-28,49 \times 2,27-4,72 μm , locos conidiogênicos espessados e um tanto escurecidos. Ramoconídios não septado, cilíndrico, 17,49-26,68 \times 2,31-4,69 μm , sub-hialino, lisas, com cicatrizes conidiais protuberantes, espessadas e escurecido. Conídios formando cadeias curtas ramificadas, não septado, liso ou rugoso; terminal pequeno de conídios oval a elipsoidal, 4,22-6,74 \times 2,13-4,65 μm , sub-hialino; conídios intercalares limoniformes para elipsoidal, 4,5-11 \times 2-3 μm , verde-claro; ramoconídios secundários septados, elipsoidal a subcilíndrica, geralmente atenuada no centro, 6,83-28,57 \times 2,13-5,24 μm .

Características da cultura: Em SNA atingindo uma média de 67,93 mm após 14 dias em 25° C, em um tom de verde oliva, plano, granuloso, micélio aéreo abundante; reverso cinza claro; micélio superficial e imerso, composto e septado, ramificado, 2,97-5,08 μm de largura, sub-hialino a verde claro, liso e com paredes espessas.

Material examinado: BRASIL• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: solo. COAD 3116 (Sílica gel e glicerol).

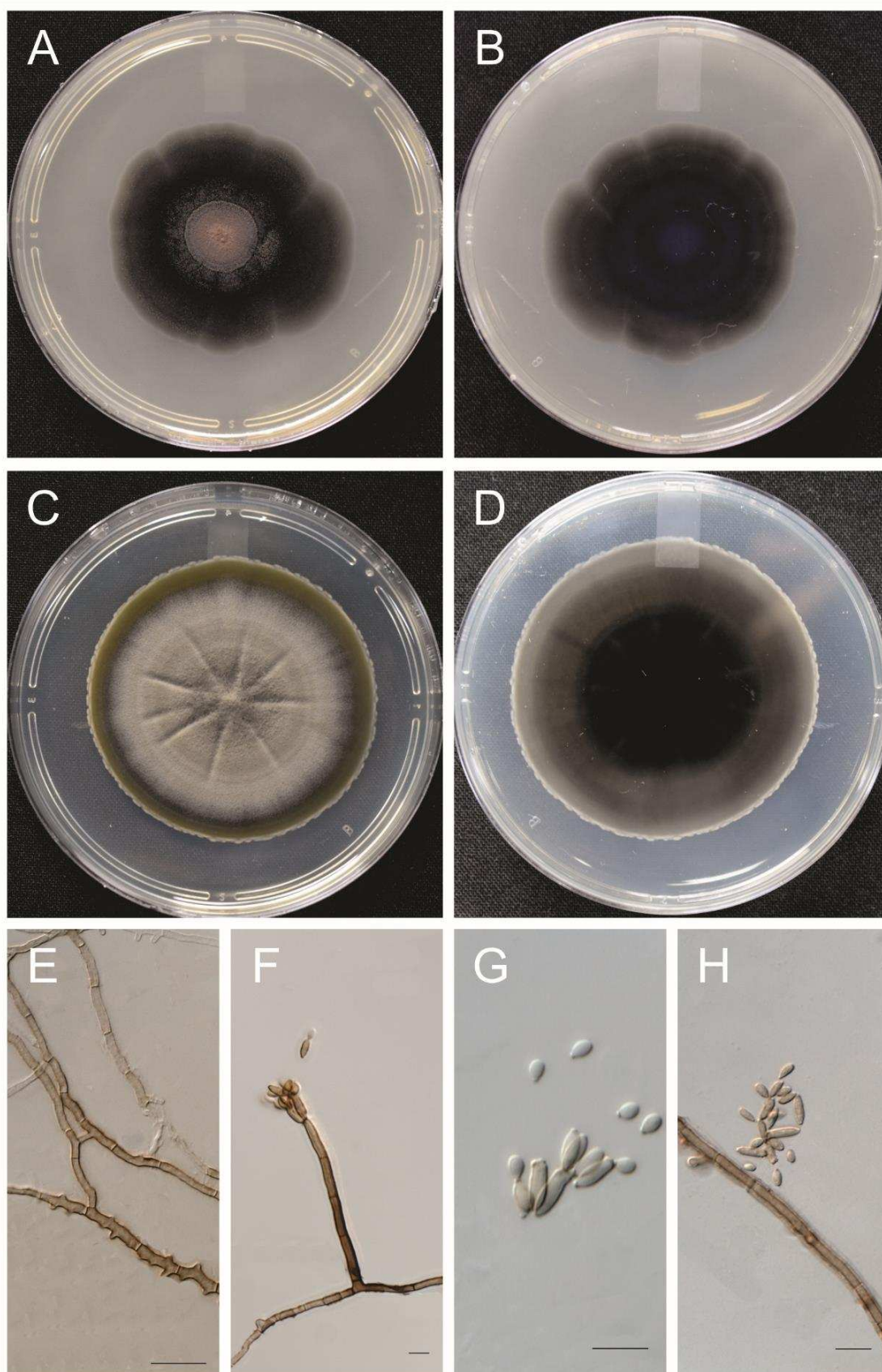


Figura 7: *Cladosporium* sp. (COAD 3108) A-B. Colônia em BDA; C-D. Colônia em SNA; E. Hifas passando por processo de anastomose; F. Conidióforo, célula conidiogênica, ramoconídios e conídios secundários; G. Ramoconídeos, conídios secundários e conídios; H. Conídios. Barras = 10 μm.

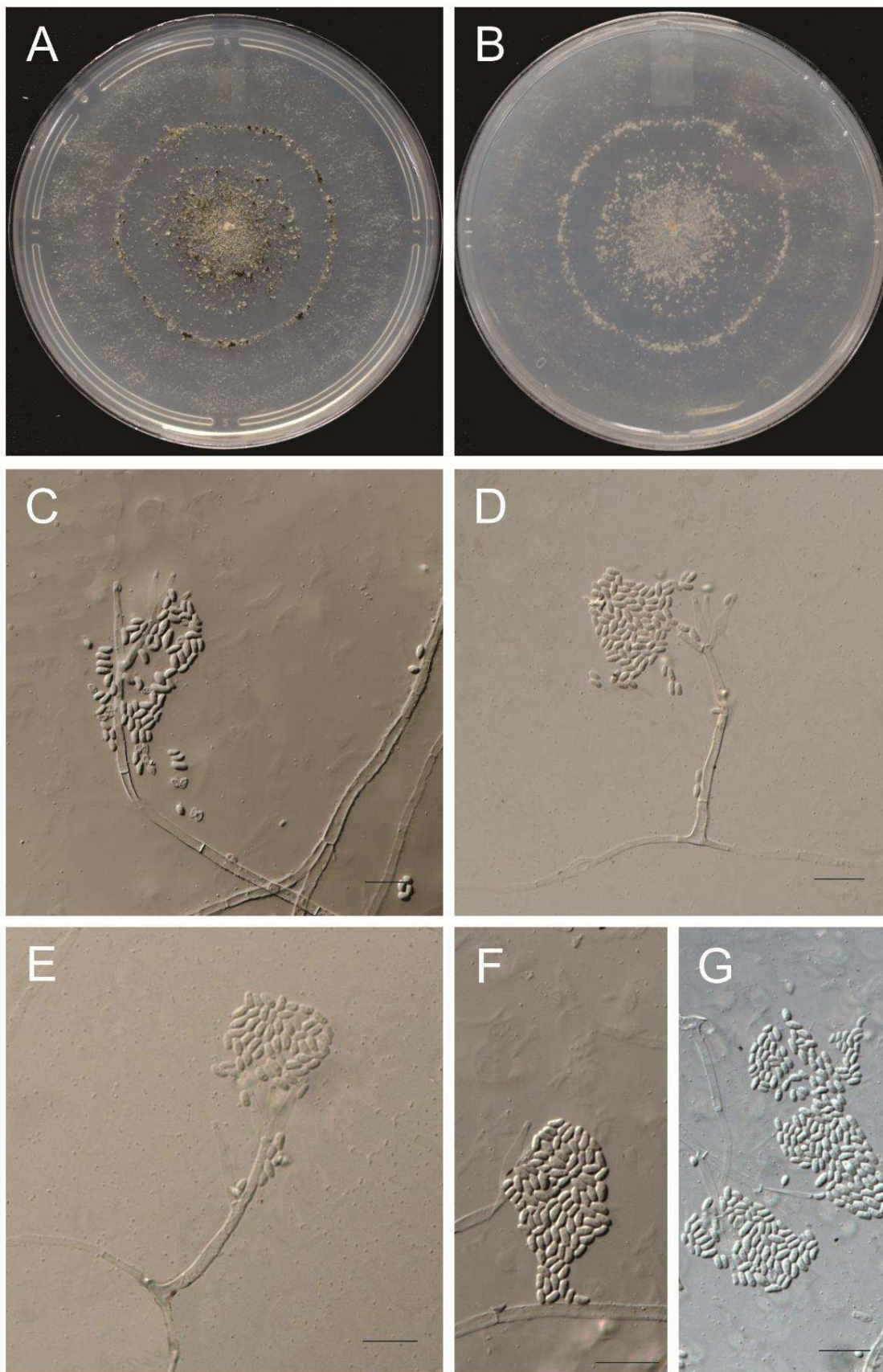


Figura 8: *Cladosporium anthropophilum* (COAD 3116) **A-B.** Colônia em SNA; **C-E.** Conidióforo, célula conidiogênica, ramoconídios e conídios secundários; **F-G.** Conídios. Barras =10 μm.

Os fungos pertencentes ao gênero *Cladosporium* Link (1816: 37) são pertencentes ao filo Ascomycota (Cladosporiaceae, Capnodiales) e têm uma distribuição mundial (POTIN *et al.* 2004) com espécies ocorrendo em vários substratos, como por exemplo: solo, folhas, madeira, alimentos e têxteis (CROUS *et al.* 2007, BENSCH *et al.* 2012, MA *et al.* 2017, CROUS *et al.* 2018). As espécies do gênero *Cladosporium* podem ser saprófitas, fitopatogênicas, patogênicas em humanos e animais, hiperparasitas ou endofíticas, e elas têm potencial para serem utilizadas como agentes de controle biológico de outros fungos, como os causadores de ferrugens, ou de insetos pragas (HAMILTON, 1959; ABDEL-BAKY & ABDEL-SALAM, 2003; BENSCH *et al.* 2012; KÖHL *et al.* 2015; TORRES *et al.* 2017). Algumas espécies podem habitar ambientes inóspitos, sendo halofílicas, halotolerantes ou exibirem tolerância moderada a alcalóides (ZALAR *et al.* 2007; BENSCH *et al.* 2012; GRUM-GRZHIMAYLO *et al.* 2016). De acordo com alguns estudos, espécies de *Cladosporium* possuem os esporos mais encontrados em abundância no meio ambiente (FERNANDEZ-CORTES *et al.* 2001; PORCA *et al.* 2011; OGÓREK 2014). Outras espécies do gênero também são encontradas em cavernas (LARSEN e GRAVESEN. 1991; STE, PALSKA *et al.* 1999; PUSZ *et al.* 2014; VANDERWOLF *et al.* 2013). Várias espécies de *Cladosporium* são relatadas em ambientes fechados e amostras clínicas (SANDOVAL-DENIS *et al.* 2016; BENSCH *et al.* 2018).

Espécies do gênero *Cladosporium* possuem conidiogênese holoblástica com conídios amero ou fragmospóricos formados em grupos não ramificados ou em cadeias acropetais ramificadas (BENSCH *et al.* 2012). As principais características que distinguem *Cladosporium* de outros gêneros relacionados são a estrutura única de seus locos conidiogênicos e hilos conidiais, ambos são coronados, definidos como protuberante com uma cúpula convexa central cercada por uma borda periclinal elevada (DAVID, 1997; BRAUN *et al.* 2003; CROUS *et al.* 2007; BENSCH *et al.* 2012, 2018). Morfologicamente, são caracterizados pelos ramoconídios, ramoconídios secundários, conídios intercalares e pequenos conídios terminais (SCHUBERT *et al.* 2007). Estudos recentes têm apresentado abordagens polifásicas realizadas para delimitar os três complexos de espécies, *Cladosporium herbaum* (SCHUBERT *et al.* 2007), *Cladosporium sphaerospermum* (DUGAN *et al.* 2008) e *Cladosporium cladosporioides* (BENSCH *et al.* 2010).

Um dos primeiros trabalhos moleculares envolvendo a taxonomia de *Cladosporium* com base em ITS e SSU foi realizado por Braun *et al.* (2003). Crous *et al.*

(2007) delimitou os gêneros morfológicamente semelhantes a *Cladosporium* utilizando como base sua morfologia e filogenia molecular com base em LSU. Em um estudo abrangente de *Cladosporium sensu lato* que foi fornecido por Bensch *et al.* (2012), onde que com base nas características morfológicas e com dados moleculares combinados de ITS, ACT e sequência TEF1- α , é possível distinguir espécies de *Cladosporium*. Em seu estudo, 993 nomes atribuídos a *Cladosporium sensu lato* são tratados e 169 nomes foram reconhecidos em *Cladosporium sensu stricto*. Bensch *et al.* (2015) introduziu os três principais complexos de espécies em *Cladosporium*, ou seja, *C. cladosporioides*, *C. herbarum* e *C. sphaerospermum*, descrevendo 19 novas espécies. Neste estudo, a filogenia molecular de *Cladosporium* foi realizada com base em ITS, TEF1- α e ACT e complementadas com características morfológicas (BENSCH *et al.* 2010, 2015). Embora que a região ITS seja considerada o barcode do DNA para muitos fungos (SCHÖCH *et al.* 2012), esta região tem um limite na resolução para a identificação espécies de *Cladosporium* (BENSCH *et al.* 2010, 2015; TORRES *et al.* 2017; BENSCH *et al.* 2018). Portanto, é necessário fazer essa combinação com outras regiões (SANDOVAL-DENIS *et al.* 2016; MARIN-FELIX *et al.* 2017; TORRES *et al.* 2017) como já citadas. A actina foi a região com melhor suporte filogenético para distinguir as espécies. No total, duas espécies (COAD 3108T e COAD 3116) foram identificadas neste estudo, ambas pertencentes ao complexo *C. cladosporioides* (após terem sido geradas árvores com a região ITS envolvendo todos os isolados pertencentes aos três complexos, dados não mostrados).

A partir do resultado das árvores filogenéticas concatenadas geradas por inferência bayesiana, mostrou que o isolado COAD 3108T (Fig.9) não agrupou com nenhuma espécie conhecida dentro do complexo, dessa forma o isolado COAD 3108T será proposto como uma nova espécie. O isolado COAD 3108T acabou agrupando próximo do isolado *Cladosporium alboflavescens* (SANDOVAL-DENIS, GENÉ & CANO, sp. nov.). COAD 3108T é morfológicamente semelhante a *C. alboflavescens*. No entanto, a nova espécie difere principalmente de *C. alboflavescens* por suas estruturas vegetativas, um tom de marrom para o isolado COAD 3108T e um tom de verde-pálido para *C. alboflavescens*; cor de suas colônias, sendo que COAD 3108T em BDA apresenta um tom de verde oliva a verde-acinzentado e em SNA um tom de cinza-esverdeado a cinza bem escuro e já *C. alboflavescens* um tom de cinza olivácea. COAD 3108T e *C. alboflavescens* difere na formação de cadeias conidiais também, sendo mais longas em *C. alboflavescens* e mais curta em COAD 3108T

O isolado COAD 3116 (Fig. 9) agrupou com uma espécie já conhecida, sendo essa espécie *C. anthropophilum* UTHSC 13.226 e formando um clado irmão com a espécie-Tipo *C. anthropophilum* CBS 140685T. *Cladosporium anthropophilum* (SANDOVAL-DENIS, GENÉ & WIEDERHOLD) é provavelmente um fungo saprofítico, mas devido ao número de isolados encontrados em fluidos corporais humanos e animais, eles também podem representar um fungo clinicamente relevante (SANDOVAL-DENIS *et al.* 2016). Esta espécie tem como morfologia características conidióforos mais longos (até 438 µm) e conídios terminais ovais paraelipsoidal (SANDOVAL-DENIS *et al.* 2016). Apesar dos dois isolados introduzido aqui, a coleção de isolados também significou que o conceito de hospedeiros e distribuições de algumas espécies pode ser expandido. Os isolados apresentados nesse estudo são exemplos de dois diferentes substratos do interior da caverna. Sendo o isolado COAD 3108T coletado do ar e o isolado COAD 3116 coletado do solo. Segundo alguns estudos já publicados, como o de Zhang (2020), *C. anthropophilum* já foi relatado em ambientes cavernícolas (JIANG *et al.* (2017a, b)). Isolados de *C. anthropophilum* já foram relatados no Brasil, mas não em cavernas brasileiras, sendo considerado em nosso estudo o primeiro relato dessa espécie em uma caverna no Brasil.

Curvularia sp. COAD 3107 e COAD 3118 (a serem propostos como nova espécie)

Dothideomycetes, Pleosporales, Pleosporaceae.

(Fig. 10)

Hifas sub-hialinas a marrom-claro, lisas, septadas, 1,36-4,76 µm de largura. Conidióforos mononematosos a macronematoso, eretos, flexuosos, geniculado em direção ao ápice, uniformemente marrom claro a um tom de marrom escuro, septado, 28,40-199,02 µm de comprimento e 1,85-6,88 µm de largura, 6-8 µm diâmetro. Células conidiogênicas integradas, terminais ou intercalares, com proliferação simpodial, marrom claro a marrom-escuro, lisas, mono ou politréticas, com cicatrizes escurecidas, 7,72-36,23 x 1,83-4,30 µm diâmetro. Conídios elipsoidais, curvos, a terceira célula da base inchada, células finais um pouco mais pálidas, lisas, 10,52-29,31 x 3,16-15,87 µm, marrom claro a marrom, presença de 3 a 4 distoseptos sendo que a presença de 4 distoseptos na maioria das vezes. Hila conspícua, às vezes ligeiramente protuberante.

Características da cultura: Colônias em meio BDA em média de 53,30 mm diâmetro, respectivamente, após 7 dias a 25° C, margem fimbriada, verde olivácea a marrom-claro, com algum micélio aéreo.

Material examinado: Brasil• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: ar. VIC 47484 (material herborizado). COAD 3107 (Sílica gel e glicerol).

Brasil• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: ar. COAD 3118 (Sílica gel e glicerol).

Curvularia warrabererensis Y.P. Tan & R.G. Shivas. (Fig. 11)

Hifas sub-hialinas, lisas, septadas, 1,88-3,02 µm de largura. Conidióforos eretos, flexuosos, geniculado em direção ao ápice, uniformemente marrom claro a um tom de marrom, septado, 31,11-80,92 µm de comprimento e 2,12-3,33 µm de largura, células basais às vezes inchadas, 6-8 µm diâmetro. Células conidiogênicas integradas, terminais ou intercalares, com proliferação simpodial, marrom claro a marrom, lisas, mono ou politréticas, com cicatrizes escurecidas, 3,02-20,03 x 2,02-3,32 µm diâmetro. Conídios elipsoidais, curvos, a terceira célula da base inchada, células finais um pouco mais pálidas, lisas, 8,09-17,59 x 4,24-7,22 µm, marrom claro a marrom, presença de 3 distoseptos. Hila conspícua, às vezes ligeiramente protuberante.

Características da cultura: Colônias em meio BDA em média de 18,55 mm diâmetro após 7 dias a 25° C, margem fimbriada, verde olivácea, velutinoso com algum micélio aéreo.

Material examinado: BRASIL• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: ar. COAD 3109 (Sílica gel e glicerol). .

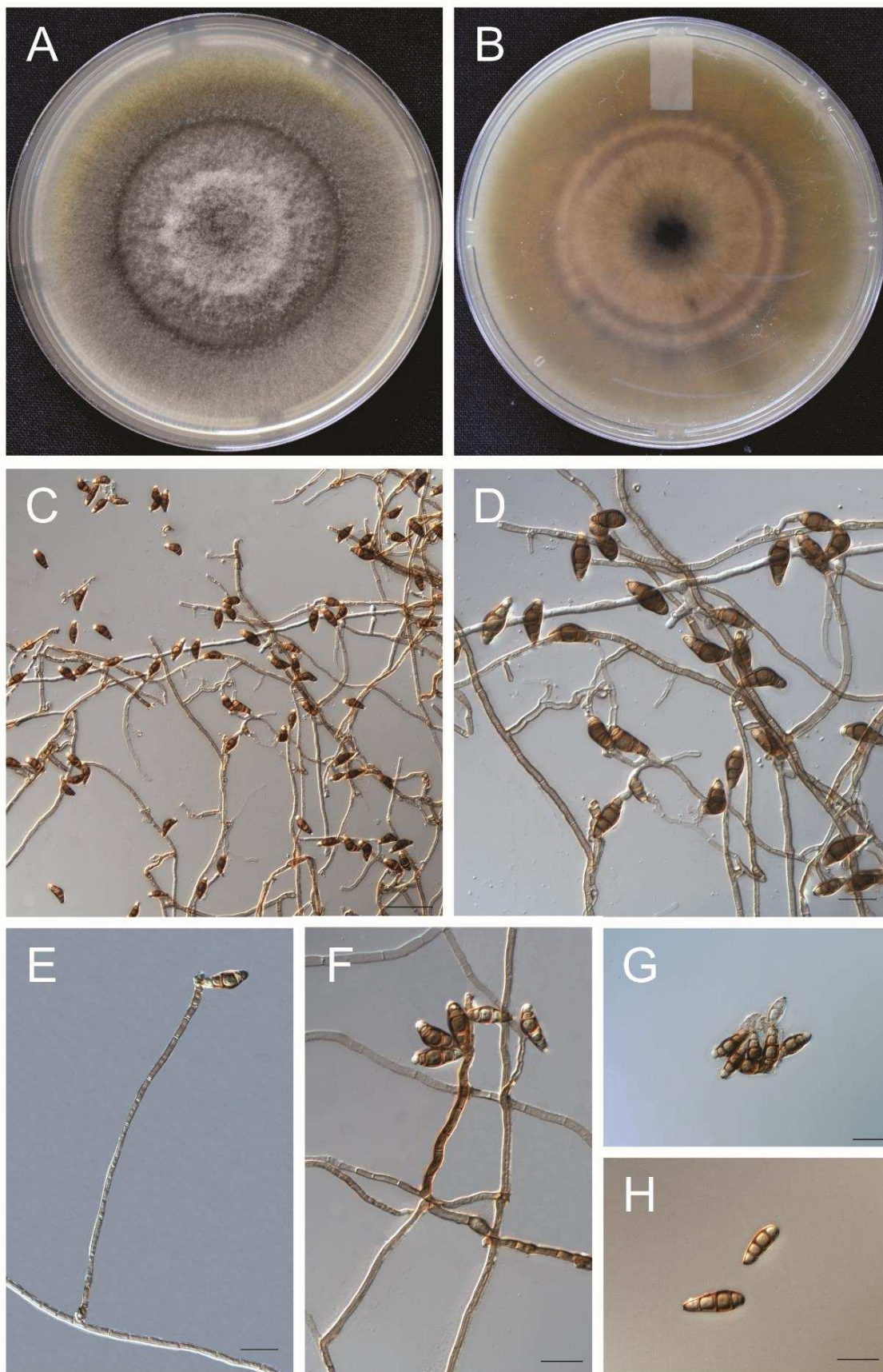


Figura 10: *Curvularia* sp. (COAD 3107) A-B. Colônia em BDA; C-D. Micélio e conídios; E-F. Conidióforo ereto; G. Conídios germinando; H. Conídios de três a quatro septos. Barras= 10 μm.

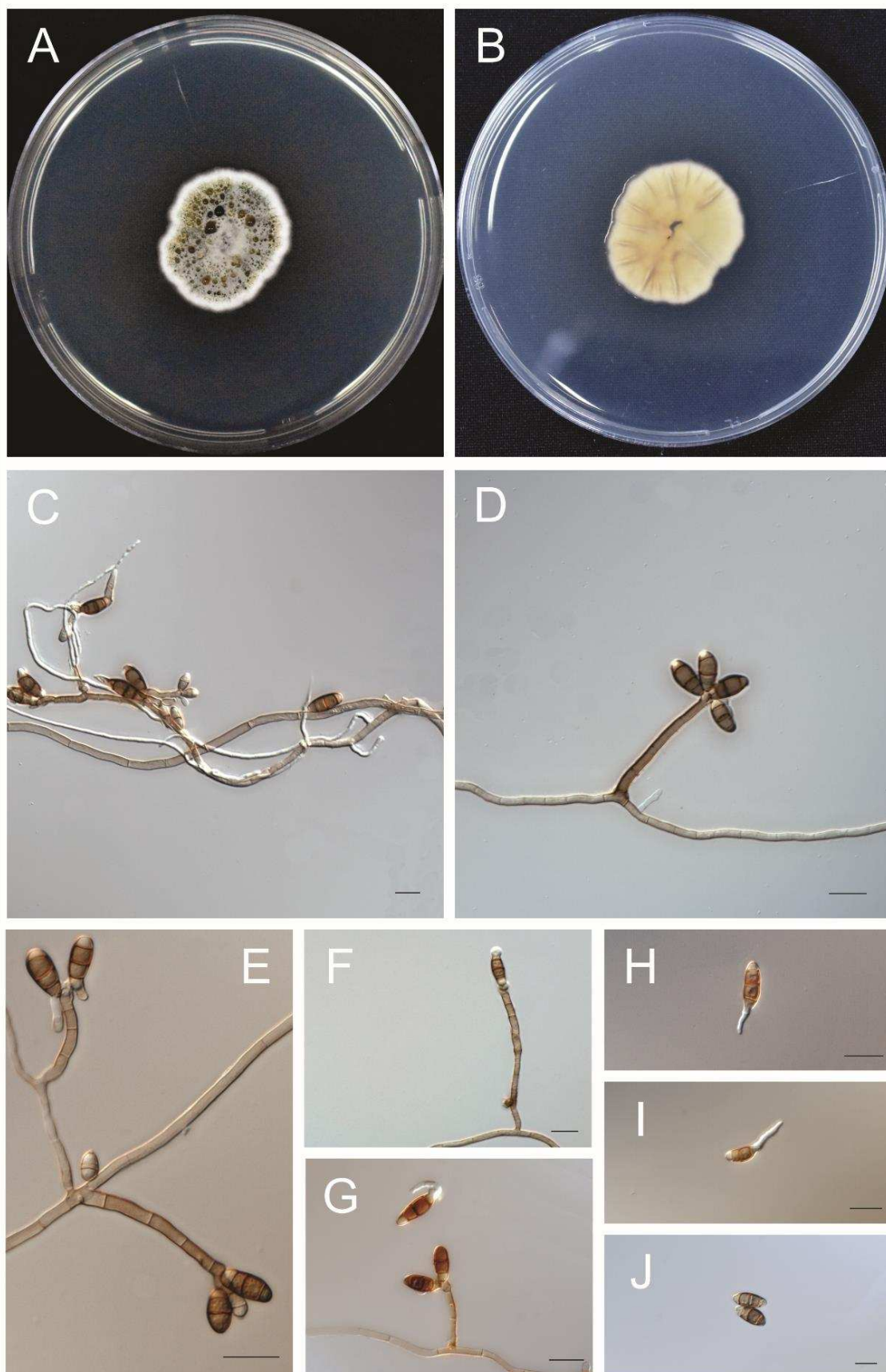


Figura 11: *Curvularia warrabererensis* (COAD 3109) **A-B.** Colônia em BDA; **C-D.** Micélio e conídios; **E-G.** Conidióforo ereto; **H-I.** Conídios germinando; **J.** Conídios de três septos. Barras de escala = 10 μ m.

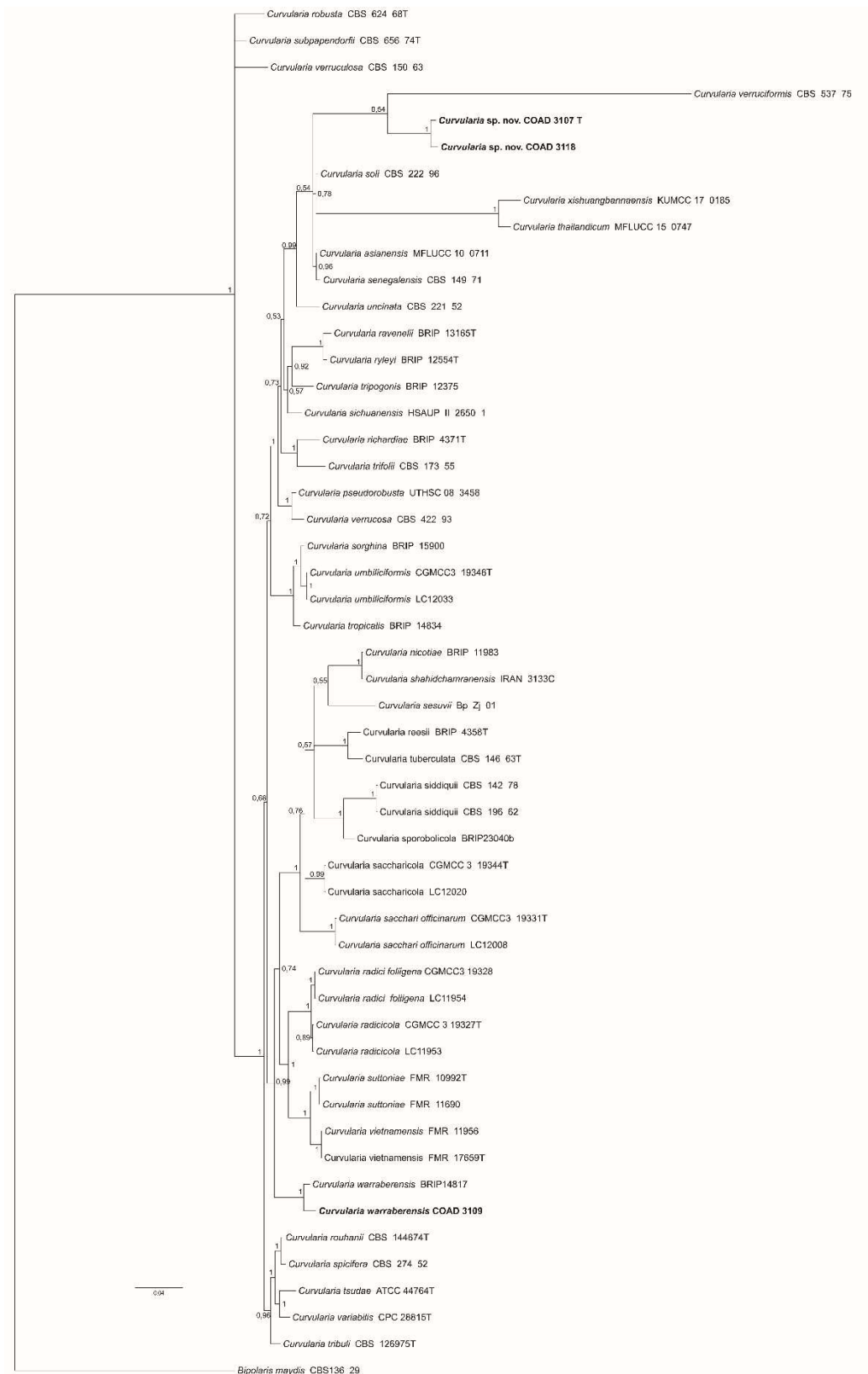


Figura 12: Árvore filogenética concatenada do gênero *Curvularia* obtida pelo método Inferência Bayesiana utilizando sequências das regiões gênicas ITS, GAPDH e TEF1- α . Os valores de probabilidade posterior são indicados próximos aos nós. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito. A árvore foi enraizada com *Bipolaris maydis* CBS 136.29T. T = material *ex-*

O gênero *Curvularia* apresenta uma distribuição mundial que inclui desde patógenos à saprófitos e em uma ampla gama de hospedeiros vegetais. As espécies de *Curvularia* ocorrem principalmente em membros da família Poaceae e que representam patógenos importantes em gramíneas e em culturas básicas, incluindo arroz, milho, trigo e sorgo. (SIVANESAN, 1987; MANAMGODA *et al.* 2015; MARIN-FELIX *et al.* 2017a, b; TAN *et al.* 2018). *Curvularia* também inclui alguns patógenos emergentes oportunistas em seres humanos e que causam infecções no trato respiratório, infecções cutâneas, cerebrais e da córnea, principalmente em pacientes imunocomprometidos. *Curvularia* também podem ser encontradas em diversos substratos tais como, o ar (*C. aeria* e *C. pallescens*; MANAMGODA *et al.* 2015), ambientes aquáticos (*C. robusta* e *C. senegalensis*; VERMA *et al.* 2013) e principalmente no solo (*C. soli* e *C. spicifera*; MARIN-FELIX *et al.* 2017a; TAN *et al.* 2018).

As espécies de *Curvularia* são caracterizadas pela produção de conídios marrom distoseptados, geralmente com células terminais mais claras e células intermediárias excessivamente aumentadas, o que contribui para sua curvatura característica. A curvatura dos conídios é a principal diferença para o gênero semelhante, *Bipolaris*. Em *Bipolaris*, geralmente os conídios também são mais longos do que em *Curvularia* (SIVANESAN. 1987; MARIN-FELIX *et al.* 2017a). A única diferença é a presença de estroma em algumas espécies de *Curvularia*, uma característica não observada em *Bipolaris* (MANAMGODA *et al.* 2012). A forma sexual raramente é encontrada na natureza e difícil de induzir em cultura, e de valor limitado para distinguir *Bipolaris* e *Curvularia* (MANAMGODA *et al.* 2014, 2015). As espécies de *Curvularia* e *Bipolaris* são, portanto, diferenciado principalmente com base em suas formas assexuadas (MARIN-FELIX *et al.* 2017a). O gênero *Curvularia* é um gênero bem delineado com base em dados moleculares (MANAMGODA *et al.* 2015, MARIN-FELIX *et al.* 2017a). Entretanto, somente com as características morfológicas e as análises do barcode ITS são, muitas das vezes, insuficientes para identificar com precisão as espécies de *Curvularia*. Sendo assim, a análise de sequência multi-locus de marcadores de genes diferentes (ou seja, ITS, LSU, GAPDH, rpb2 e TEF1- α) é usada para estudar a diversidade de espécies em *Curvularia* e relações filogenéticas com outros gêneros semelhantes (HERNÁNDEZ-RESTREPO *et al.* 2018; MANAMGODA *et al.* 2012, 2015; MADRID *et al.* 2014; MARIN-FELIX *et al.* 2017a, 2017b; TAN *et al.* 2018). E segundo Marin-Felix *et al.* (2017a) considerou que as regiões ITS, GAPDH e TEF1- α como os barcode de DNA para

delineamento de espécies no gênero, embora o ITS e GAPDH por si só também podem resolver a maioria das taxa em *Curvularia* (MANAMGODA *et al.* 2015). Durante os últimos anos, várias novas espécies de *Curvularia* foram introduzidas (HYDE *et al.* 2017; MARIN-FELIX *et al.* 2017a, 2017b; DEHDARI *et al.* 2018; HEIDARI *et al.* 2018; LIANG *et al.* 2018; MEHRABI-KOUSHKI *et al.* 2018; TAN *et al.* 2018; TIBPROMMA *et al.* 2018; KISS *et al.* 2019; RAZA *et al.* 2019; ZHANG *et al.* 2020). As espécies em ambos os gêneros apresentam morfologia intermediária, tornando os dados de sequência necessários para delinear ambos os gêneros. E em estudos filogenéticos recentes baseados em ITS, GAPDH e TEF1- α demonstraram que algumas espécies classificadas em *Bipolaris* pertencem a *Curvularia*, e vice-versa (MANAMGODA *et al.* 2014, 2015; TAN *et al.* 2014). Por isso a importância da utilização dessa sequência multi-locus de marcadores para *Curvularia* como foi descrita por Marin-Felix e colaboradores (2017a).

Portanto, a partir do resultado final das árvores filogenéticas concatenadas geradas por inferência, a árvore resultante mostrou que os isolados COAD 3107T e COAD 3118 não agruparam com nenhuma espécie até hoje descrita (Fig. 12), por essa razão acredita-se na proposta de uma espécie nova. COAD 3107T e COAD 3118 formou um clado irmão com *C. verruciformis* CBS 537.75 (G.P. AGARWAL e V.P. Sahni, Curr. Sci. 32: 277 (1963)). A espécie *Curvularia verruciformis* causa podridão da raiz do trigo na Índia (AGARWAL & SAHNI, 1963). Os isolados COAD 3107T e COAD 3118 são morfologicamente semelhantes a *C. verruciformis*, *C. verrucosa* e *C. verruculosa* já que as quatro espécies produzem um conídio verrucoso. No entanto, eles diferem no número de septos conidiais, sendo principalmente 3 distoseptos em *C. verruculosa* e 4 distoseptos em *C. verruciformis* e *C. verrucosa* (ELLIS, 1966; SIVANESAN, 1992) e COAD 3107T e COAD 3118. Os conídios em *C. verruciformis* tendem a ser mais geniculados o que torna a longitude dos conídios mais curta do que nos isolados COAD 3107T e COAD 3118 que apresentam ser menos geniculados. Filogeneticamente, as espécies *C. verrucosa* e *C. verruculosa* estão muito distantes de COAD 3107T e COAD 3118 e *C. verruciformis* CBS 537.75 (Fig. 12).

Já o isolado COAD 3109 foi agrupado sendo pertencente a espécie *Curvularia warraberensis* (Fig. 12) (Australia, Queensland, Torres Strait, Warraber Island, from leaf spot on *Dactyloctenium aegyptium*, 2 Jun. 1985, R.A. Peterson (holotype BRIP 14817, includes ex-type culture). *Curvularia warraberensis* tem conidióforos mais longos do que *C. caricae-papayae* (até 100 μ m de comprimento, SRIVASTAVA & BILGRAMI, 1963)

e conídios mais longos do que *C. caricae-papayae* (12,8-18,0 × 6-8 µm) e *C. prasadii* (12,8-18,0 × 6-8 µm, MATHUR & MATHUR, 1959). O gênero *Curvularia* é relatado em estudos da microbiota em cavernas como o de Zhang (2020), dentre algumas das espécies já relatadas estão: *C. brachyspora*, *C. eragrostidis*, *C. hawaiiensis* e *C. senegalensis* (VANDERWOLF *et al.* 2013). Sendo que *C. warraberensis* foi relatado pela primeira vez em nosso estudo em cavernas, por essa razão acredita-se que o isolado deste estudo seja o primeiro relato dessa espécie em cavernas brasileiras e do mundo.

Mucor variicolumellatus L. Wagner & G. Walther.

(Fig. 13)

Rizoides presentes, ligeiramente ramificados, até 32 µm de comprimento, hialinos. Esporangióforos, hialinos a ligeiramente cinza pálidos, de 27,98-54,92 × 1,05-2,09 µm diâmetro, ramificados repetidamente simpodialmente, com ramos longos ou curtos, eretos, alguns ligeiramente curvos, de paredes lisas. Esporângio inicialmente hialino a laranja claro, então se tornando um cinza amarronzado a cinza escuro, globoso, 20-90 (-107) µm de diâmetro, parede deliquescente. Columelas hialinas, frequentemente globosas, obovóide, oval e em forma de morango, 4,19-6,25 × 3,98-5,75 µm de diâmetro, raramente elipsoidal a cilíndrico 22-33,5 × 20-30, e cônico 20-30 × 13-25 µm, de parede lisa, com colar comumente observado. Esporangiósporos hialinos, de tamanho variável, elipsoidal, 2,60-3,95 × 2,38-3,83 µm de diâmetro, parede finas, hialinas. Clamidósporos intercalados, isoladamente, em pares ou em cadeias, elipsoidal ou elipsoidal alongada, 11,3-36,6 × 7-17,2 µm. Zigósporos não observados. Colônias em BDA cinza com um tom de marrom; reverso com setores amarelo-laranja.

Características da cultura: Colônias inicialmente brancas, depois se transformando em um cinza claro, algodinoso, colonizando toda a placa de Petri (90 cm diâmetro) e tocando a tampa da placa, a 25° C, em MEA

Material examinado: Brasil• Minas Gerais, Diamantina; julho de 2019; habitat: Gruta Monte Cristo; material: guano de morcego. COAD 3117 (Sílica gel e glicerol).

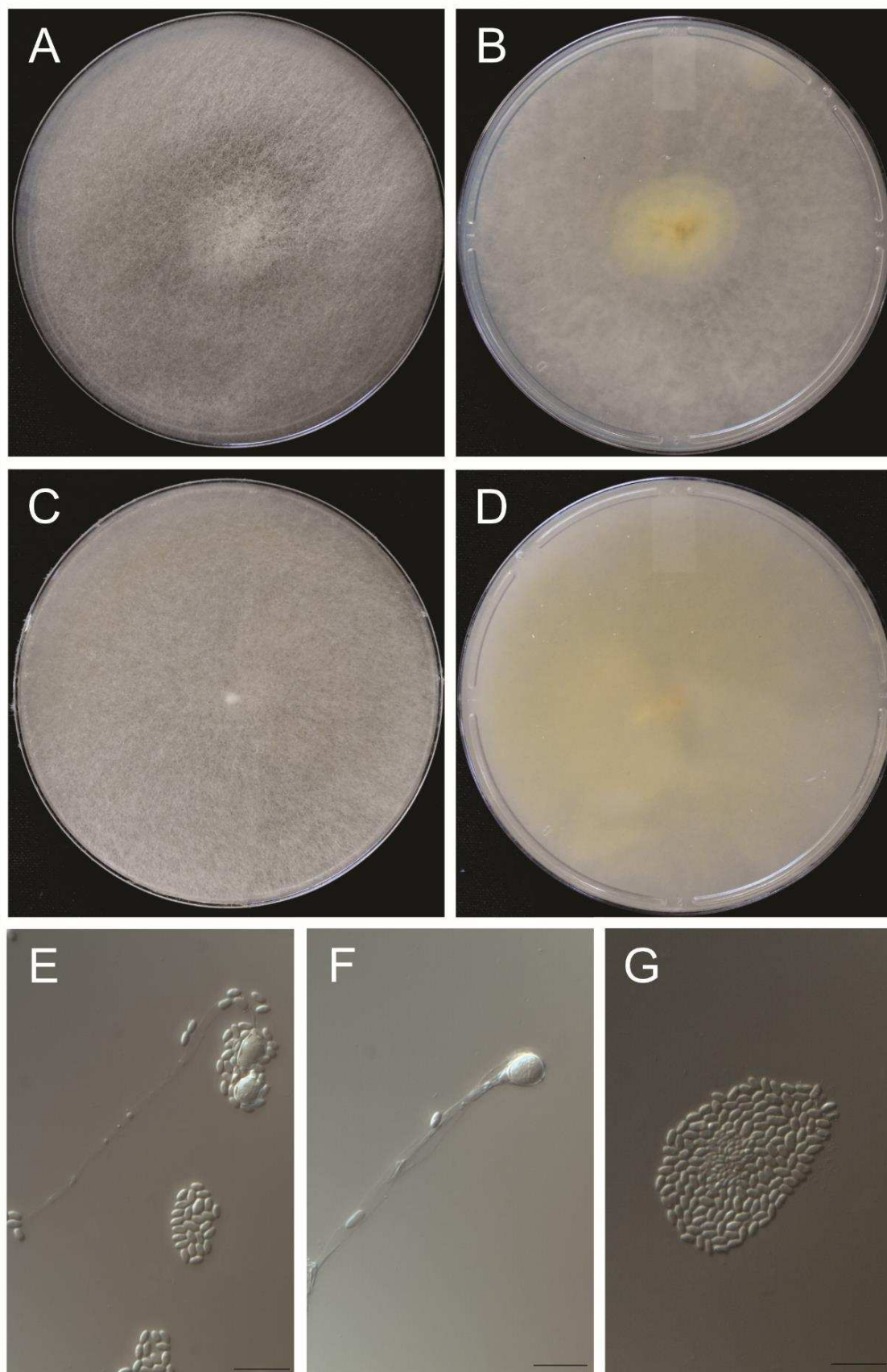


Figura 13: *Mucor variicolumellatus* (COAD 3117) **A-B.** Colônia em BDA; **C-D.** Colônia em MEA; **E.** Esporangióforo não ramificado com columela e esporangiósoros; **F.** Columela; **G.** esporangiósoros. Barras de escala= 10 μ m.

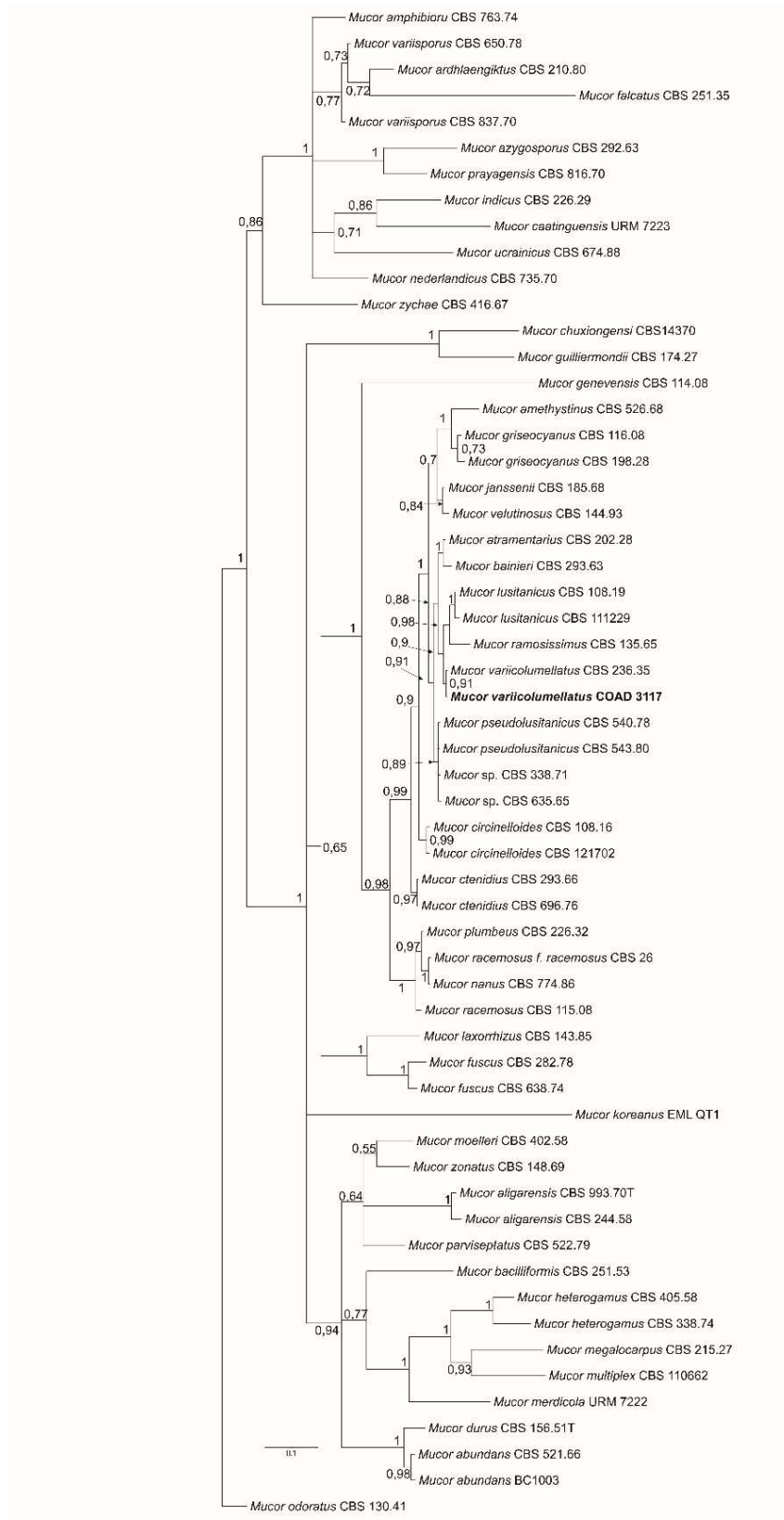


Figura 14: Árvore filogenética concatenada do gênero *Mucor* obtida pelo método Inferência Bayesiana utilizando sequências da região gênica de ITS. Os valores de probabilidade posterior são indicados próximos aos nós. O isolado obtido neste estudo está destacado em negrito. A árvore foi enraizada com *Mucor odoratus* CBS 130.41. T = material *ex-type*.

O gênero *Mucor* pertence a um grupo filogeneticamente antigo de fungos pertencentes aos “primeiros fungos divergentes” (SPATAFORA *et al.* 2017). O gênero *Mucor* inclui mais de 80 espécies cosmopolitas e pertencente ao subfilo Mucoromycotina (HIBBETT *et al.* 2007), ordem Mucorales, família Mucoraceae (BENNY GL *et al.* 2005) e contém muitas espécies coprófilas e não coprófilas (VOIGT K *et al.* 2016). As espécies do gênero *Mucor* são caracterizadas pela formação de um esporângio não apofisado em esporangióforos simples ou ramificados e por zigósporos que são carregados em opostos (SCHIPPER M *et al.* 1978) ou suspensores do tipo pinça (WALTHER G *et al.* 2013). As espécies de *Mucor* foram identificadas tradicionalmente por suas características morfológicas, como o tamanho e a forma de seus esporângios e seu modo de reprodução. Recentemente, alguns dados moleculares revelaram a posição filogenética de *Mucor* e a relação entre suas espécies (WALTHER G *et al.* 2013) com base na filogenia de ITS e regiões de rDNA de subunidade grande de várias espécies mucoraleanas. As espécies de *Mucor* são comuns e predominantemente saprotróficas (KRUG JC *et al.* 2004). Ubíquo na sua distribuição, táxons do gênero *Mucor* foram isolados em amostras de solo, esterco, frutas em decomposição e materiais de plantas mortas (WHITE MM *et al.* 2006) (MADDEN AA *et al.* 2012) bem como vários parasitas em plantas e outros fungos. As espécies de *Mucor* são particularmente valorizadas por seu crescimento rápido, novas vias metabólicas e a capacidade para produzir enzimas (ALVES MH *et al.* 2002). Segundo os trabalhos de Walther *et al.* 2013, ele propôs o uso da região ITS como um marcador padrão para a análise de sequência de espécies *Mucor*.

Com base no resultado da árvore filogenética de inferência bayesiana obtidos a partir das sequências ITS das espécies e outras espécies estreitamente relacionadas mostrou que o isolado trabalhado nesse estudo (COAD 3117) foi agrupado juntamente a espécie recentemente descrita por Wagner & G. Walther *Mucor variicolumellatus* (Fig. 14). Na árvore resultante, o isolado forma um clado irmão juntos com os isolados *M. ramosissimus* CBS 135.65 e os dois isolados de *M. lusitanicus* CBS 108.19 e CBS 111.229. O complexo *Mucor circinelloides*, conforme definido por Walther *et al.* (2013), atualmente compreende 14 espécies reconhecidas, incluindo *M. variicolumellatus*. *Mucor variicolumellatus* foi relatado anteriormente por Zycha (1935) em um *Tremella* Dill. ex *L. carpophore* e foi erroneamente identificado como *M. fragilis* Bainier. Wagner *et al.* (2019) descreveu a nova espécie com base em dados morfofisiológicos e moleculares. De acordo com Wagner *et al.* (2019), apesar da semelhança morfológica entre os membros do complexo *M. circinelloides*, todas as espécies podem ser distinguidas por

características morfofisiológicas e filogeneticamente, por meio de marcadores moleculares como a região ITS. Morfológicamente, *M. variicolumellatus* se distingue de outras espécies do complexo pela produção de columelas obovóides, ovais e em formato de morango. As características morfológicas do isolado COAD 3117 mostra similaridade com a descrição original dada por Wagner *et al.* (2019) e Álvarez *et al.* (2011). *Mucor variicolumellatus* tinha sido relatado apenas na Alemanha, Malawi e EUA, em isolados de *Tremella*, farinha de milho e em humanos (ÁLVAREZ *et al.* 2011; WAGNER *et al.* 2019). E um estudo de Carlos Alberto Fragoso de Souza publicado em junho de 2020, foi isolado de amostras de solo em uma área de floresta tropical de sequeiro do semiárido do Brasil. Sendo dessa forma o primeiro registro de *M. variicolumellatus* na região Neotropical. Já o isolado COAD 3117, foi um isolado do guano de morcegos em cavernas do município de Diamantina- MG, Brasil. Espécies do subfilo Mucoromycotina já foram relatados em outros trabalhos como o de Zhang (2017) e (2020) em ambientes cavernícolas. Mas, essa espécie em particular, *M. variicolumellatus*, é o primeiro relato dessa espécie presente em cavernas não só do Brasil como também do mundo.

Nosso estudo revelou que a caverna Monte Cristo engloba uma grande diversidade de fungos, sendo relatado um gênero novo, duas espécies novas e ainda três primeiros relatos. E ainda uma série de espécies não descritas devido ao grande número de isolados armazenados para posteriores trabalhos. Os isolados encontrados neste estudo, pertencentes aos Gêneros *Cladosporium*, *Curvularia* e *Mucor* e também da família Chaetomiaceae já foram citados em outros trabalhos relacionados ao ambiente cavernícola como por exemplo (Zhang e colaboradores de 2017 e de 2020). Este estudo corrobora com a identificação de novas espécies fúngicas em cavernas, principalmente no Brasil.

6. Conclusões

- Com base em características morfológicas e análises filogenéticas, 1 possível gênero novo e 2 novas espécies serão propostos com base no Código Internacional para Algas, Fungos e Plantas. Além disso 3 novos relatos de ocorrência foram descritos em cavernas.
- As novidades taxonômicas encontradas no pequeno número de isolados selecionados demonstram a elevada riqueza de espécies a serem ainda descobertas nesse nicho ecológico pouco explorado em termos microbiológicos.

Referências bibliográficas

-ALAM MZ, KABBASHI NA, HUSSIN SN. Production of bioethanol by direct bioconversion of oil-palm industrial effluent in a stirred-tank bioreactor. *J Ind Microbiol Biotechnol* 2009;36:801–808.

-Álvarez E, Cano J, Stchigel AM, Sutton DA, Fothergill A, Salas A, Rinaldi MG, Guarro J (2011) Two new species of *Mucor* from clinical samples. *Medical Mycology* 49: 62–72. <https://doi.org/10.3109/13693786.2010.499521>.

-ALVES MH, CAMPOS-TAKAKI GM, Porto ALF, Milanez AI. Screening of *Mucor* spp. for the production of amylase, lipase, polygalacturonase and protease. *Braz J Microbiol* 2002;33:325–330).

-AGGARWAL, R, TEWARI, AK, SRIVASTAVA, K.D, SINGH, DV. Role of antibiosis in the biological control of spot blotch (*Cochliobolus sativus*) of wheat by *Chaetomium globosum*. *Mycopathologia*. 2004; 157: 369–377.

-ALTSCHUL, S.F.; MADDEN T.L.; SCHAFFER A.A.; ZHANG J.; ZHANG Z.; MILLER W.; LIPMAN D.J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research* 25: 3389–3402, 1997.

-AMES LM (1963). A monograph of the Chaetomiaceae. U.S. Army Research and Development, Series 2.

-ANDERSEN B, FRISVAD JC, SØNDERGAARD I, et al. (2011). Associations between fungal species and water-damaged building materials. *Applied and Environmental Microbiology* 77: 4180–4188.

-APETREI IC, DRAGANESC GE, POPESCU IT. et al. (2009). Possible cause of allergy for the librarians: books manipulation and ventilation as sources of fungus spores spreading. *Aerobiologia* 25: 159–166.

- ARMSTRONG D. (1993): Treatment of Opportunistic Fungal Infections. *Clin. Infect. Dis.*, 16(1); 1-7.
- AYANBIMPE GM, WAPWERA SD, KUCHIN D (2010). Indoor air mycoflora of residential dwellings in Jos metropolis. *African Health Sciences* 10: 172–176.
- BARTON, H. A.; NORTHUP, D. E. Geomicrobiology in cave environments: past, current and future perspectives. *Journal of Cave and Karst Studies*, v. 69, p163–178, 2007.
- BENSCH, K., GROENEWALD, J.Z., DIJKSTERHUIS, J., STARINK-WILLEMSE, M., ANDERSEN, B., SUMMERELL, B.A., SHIN, H.-D., DUGAN, F.M., SCHROERS, H.-J., BRAUN, U. & CROUS, P.W. (2010) Species and ecological diversity within the *Cladosporium cladosporioides* complex (*Davidiellaceae*, *Capnodiales*). *Studies in Mycology* 67: 1–94. <https://doi.org/10.3114/sim.2010.67.01>
- BENSCH K, BRAUN U, GROENEWALD JZ, CROUS PW (2012) The genus *Cladosporium*. *Stud Mycol* 72:1–401
- BENSCH, K., GROENEWALD, J.Z., BRAUN, U., DIJKSTERHUIS, J., DE JESÚS YÁÑEZ-MORALES, M. & CROUS, P.W. (2015) Common but different: The expanding realm of *Cladosporium*. *Studies in Mycology* 82: 23–74. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2015.10.001>
- BENSCH, K., GROENEWALD, J.Z., MEIJER, M., DIJKSTERHUIS, J., JURJEVIC, Z., ANDERSEN, B., HOUBRAKEN, J., CROUS, P.W. & SAMSON, R.A. (2018) *Cladosporium* species in indoor environments. *Studies in Mycology* 89: 177–301. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2018.03.002>
- BENNY GL. *Zygomycetes*. 2005. Published on the Internet at <http://www.zygomycetes.org>).
- BRAUN U, CROUS PW, DUGAN F, GROENEWALD JE, DE HOOG GS (2003) Phylogeny and taxonomy of *Cladosporium*-like hyphomycetes, including *Davidiella* gen. nov., the teleomorph of *Cladosporium* s. str. *Mycol Prog* 2(1):3–18
- CARMO, E. S.; BELÉM, L. D. F.; CATÃO, R. M. R.; LIMA, E. D. O.; SILVEIRA, I. L.; SOARES, L. H. M. Microbiota fúngica presente em diversos setores de um hospital público em Campina Grande-PB. *Revista Brasileira de Análises Clínicas*, v. 39, n. 3, p. 213-6, 2007.
- CARTER E, BOUDREAUX C. (2004) Fatal cerebral phaeohyphomycosis due to *Curvularia lunata* in an immunocompetent patient. *J Clin Microbiol* 42:5419–5423.

- CHAIMOWICZ, F. Levantamento bioespeleológico em algumas grutas de Minas Gerais. *EspeleoTema*, São Paulo, v. 14, n. 1, p97-107, 1984.
- CHAIMOWICZ, F. Observações preliminares sobre o ecossistema da gruta Olhos d'Água, Itacarambi, MG. *Espeleo-Tema*, São Paulo, v. 15, n. 1, p65-77, 1986.
- CROUS PW, BRAUN U, SCHUBERT K, GROENEWALD JZ (2007) Delimiting *Cladosporium* from morphologically similar genera. *Stud Mycol* 58:33–56
- DARRIBA D, TABOADA GL, DOALLO R, POSADA D (2012) jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nat Methods* 9:772–772. doi: 10.1038/nmeth.2109.
- DESSEN, E. M. B.; ESTON, V. R.; SILVA, M. S.; TEMPERINI-BECK, M. T.; TRAJANO, E. Levantamento preliminar da fauna de cavernas de algumas regiões do Brasil. *Ciência e Cultura*, Campinas, v. 32, n. 6, p714-725, 1980.
- DI CARLO, E.; CHISESI, R.; BARRESI, G.; BARBARO, S.; LOMBARDO, G.; ROTOLO, V.; SEBASTIANELLI, M.; TRAVAGLIATO, G.; PALLA, F. Fungi and bacteria in Indoor Cultural Heritage Environments: Microbial-related Risks for Artworks and Human Health. *Environment and Ecology Research*, v. 4, n. 5, p. 257-264, 2016.
- EDGAR, R.C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research* 32: 1792–1797, 2004.
- ESCHWEGE W.L.v. 1822. Geognostisches Gemalde von Brasilien und wahrscheinliches Muttergestein der Diamanten. Weimar, *Landes Industrie Comptoir*, 44p.
- FLANNIGAN B, MILLER JD (2011). Microbial growth in indoor environments. In: *Microorganisms in home and indoor work environments. diversity, health impacts, investigation and control* (Flannigan B, Samson RA, Miller JD, eds), 2nd edn. CRC Press, Boca Raton, FL: 57–107.
- FERNANDEZ-CORTES, A., CUEZVA, S., SANCHEZ-MORAL, S., CARLOS CANAVERAS, J., PORCA, E., JURADO, V., ET AL. (2001). Detection of human-induced environmental disturbances in a show cave. *Environmental Science and Pollution Research*, 18, 1037–1045.

- FERREIRA, R.L; NONAKA, E; ROSA, C.A. Riqueza e abundancia de fungos associados ao guano de morcegos hematófagos na Gruta da Lavoura (Matozinhos, Minas Gerais). *O Carste*. v.12, n.1, 2000.
- GIBERT, J.; DANIELPOL, D. L.; STANFORD, J. A. *Groundwater ecology*. New York: Academic, 571p,1994 *Clínicas*. v. 38 (4), p275-279, 2006. SAIZ-JIMENES, C. Microbiological and environmental issues in show caves. *World J Microbiol Biotechnol*. 28, p2453-2464, 2012.
- GODOY, N. M. Nota sobre a fauna cavernícola de Bonito, MS. *Espeleo-Tema*, São Paulo, v. 15, n.1, p79-91,1986.
- GONIANAKIS M, NEONAKIS I, DARIVIANAKI E, ET AL. (2005). Airborne Ascomycotina on the island of Crete: seasonal patterns based on an 8-year volumetric survey. *Aerobiologia* 21: 69–74.
- HAMILTON, E. D. (1959). Studies on the air-spora. *Acta Allergologica*, 13, 143–175.
- HIBBETT DS, BINDER M, BISCHOFF JF, BLACKWELL M, Cannon PF et al. A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycol Res* 2007;111:509–547.
- HOSOE T, OKADA H, ITABASHI T, NOZAWA K, OKADA K, TAKAKI GM, FUKUSHIMA K, MIYAJI M, KAWAI K (2000) A new pentanorlanostane derivative, cladosporide A, as a characteristic antifungal agent against *Aspergillus fumigatus*, isolated from *Cladosporium* sp. *Chem Pharm Bull (Tokyo)* 48:1422–1426.
- HUNG, PM, WATTANACHAI, P, KASEM, S, POAIM S.. Biological Control of *Phytophthora palmivora* Causing Root Rot of Pomeo Using *Chaetomium* spp. *Mycobiology*. 2015; 43(1): 63-70.
- IGREJA, R.P. Infectious Diseases associated with caves. *Wilderness e Environmental medicine*.v.22, p.115-121, 2011.
- JABASINGH SA, PAVITHRA G. Response Surface Approach for the Biosorption of Cr6+ Ions by *Mucor racemosus*. *CLEAN - Soil, Air, Water* 2010;38:492–499.).
- JAMAL P, ALAM MZ, UMI N. Potential strain to produce bioprotein from cheaper carbon source: hope for millions. *Am J Biochem Biotech* 2007;3:42–46.

- JIANG JR, CHEN Q, CAI L (2017b) Polyphasic characterisation of three novel species of *Paraboeremia*. *Mycol Prog* 16:285–295.
- JURADO, V; LAIZ, L; NAVA, V.R; BOIRON, P; HERMOSIN, B; MORAL, S.S; JIMENEZ, C.S. Pathogenic and opportunistic microorganisms in caves. *International journal of speleology*. Italy, v.39, n.1, p.15-24, 2010.
- KEAN, S, SOYTONG, K, TO-ANUN, C.. Application of biological fungicides to control citrus root rot under field condition in Cambodia. *Journal of Agricultural Technology*. 2010; 6(2): 219-230.
- KUMAR S, STECHER G, TAMURA K (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol Biol Evol* 33:1870–1874. doi: 10.1093/molbev/msw054.
- KUZMINA M. L., JOHNSON K. L., BARRON H. R., HEBERT P. D. N. 2012. Identification of the vascular plants of Churchill, Manitoba, using a DNA barcode library. *BMC Ecology* 12: 25.
- KRUG JC, BENNY GL, KELLER HW. Coprophilous fungi. In: Mueller GM, Bills GF and Foster MS (editors). *Biodiversity of Fungi, Inventory and Monitoring Methods*. London: Elsevier Academic Press; 2004. pp. 467–499.
- LARSEN, L., & GRAVESEN, S. (1991). Seasonal variation of outdoor airborne viable microfungi in Copenhagen, Denmark. *Grana*, 30, 467–471.
- MADRID H, DA CUNHA KC, GENÉ J. et al (2014) Novel *Curvularia* species from clinical specimens. *Persoonia* 33:48–60.
- MANAMGODA DS, CAI L, MCKENZIE EHC et al (2012) A phylogenetic and taxonomic re-evaluation of the *Bipolaris* - *Cochliobolus* - *Curvularia* complex. *Fungal Divers* 56:131–144.
- MANAMGODA DS, ROSSMAN AY, CASTLEBURY LA et al (2014) The genus *Bipolaris*. *Stud Mycol* 79:221–288.

-MANAMGODA DS, ROSSMAN AY, CASTLEBURY LA et al (2015) A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the genus *Curvularia* (Pleosporaceae): human and plant pathogens. *Phytotaxa* 212:175–198.

-MARIN-FELIX Y, GROENEWALD JZ, CAI L. et al (2017a) Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 1. *Stud Mycol* 86:99–216.

-MARIN-FELIX Y, SENWANNA C, CHEEWANGKOON R. et al (2017b) New species and records of *Bipolaris* and *Curvularia* from Thailand. *Mycosphere* 8:1556–1574.

-MARIN-FELIX, Y., GROENEWALD, J.Z., CAI, L. CHEN, Q., MARINCOWITZ, S., BARNES, I., BENSCH, K., BRAUN, U., CAMPORESI, E., DAMM, U., DE BEER, Z.W., DISSANAYAKE, A., EDWARDS, J., GIRALDO, A., HERNÁNDEZ-RESTREPO, M., HYDE, K.D., JAYAWARDENA, R.S., LOMBARD, L., LUANGSARAD, J., MCTAGGART, A.R., ROSSMAN, A.Y., SANDOVAL-DENIS, M., SHEN, M., SHIVAS, R.G., TAN, Y.P., VAN DER LINDE, E.J., WINGFIELD, M.J., WOOD, A.R., ZHANG, J.Q., ZHANG, Y. & CROUS, P.W. (2017) Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 1. *Studies in Mycology* 86: 99–216. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2017.04.002>.

-MASON S, CORTES D, HORNER WE (2010). Detection of gaseous effluents and byproducts of fungal growth that affect environments (RP-1243). *HVAC & R Research* 16: 109–121.

-MATHUR RL, MATHUR BL (1959) A new species of *Curvularia* from the leaves of *Jasminum sambac*. *Current Science* 28(11): 448–449.

-MCMULLIN DR, SUMARAH MW, MILLER JD (2013). Chaetoglobosins and azaphilones produced by Canadian strains of *Chaetomium globosum* isolated from the indoor environment. *Mycotoxin Research* 29: 47–54.

-MILLER JD, MCMULLIN DR (2014). Fungal secondary metabolites as harmful indoor air contaminants: 10 years on. *Applied Microbiology and Biotechnology* 98: 9953–9966.

-MILLER MA, SCHWARTZ T, PICKETT BE et al., 2015. A Restful API for access to phylogenetic tools via the CIPRES science gateway. *Evolutionary Bioinformatics* 11, 43–48.

- MORIN-SARDIN S, NODET P, COTON E, JANY J-L. Mucor: a Janus-faced fungal genus with human health impact and industrial applications. *Fungal Biol Rev.* 2017;31(1):12–32.
- NORTHUP, D. E.; LAVOIE, K. H. 2001. "Geomicrobiology of Caves: A Review". *Geomicrobiology Journal* 18: 199-222.
- OGÓREK, R., LEJMAN, A., & MATKOWSKI, K. (2014). Influence of external environment on airborne fungi isolated from a cave. *Polish Journal of Environmental Studies*, 23(2), 435–440.
- OGÓREK, R.; DYLAG M.; KOZAK, B.; VISNOVSKA, Z.; TANCINOVA, D.; LEJMAN, A. Fungi isolated and quantified from bat guano and air in Harmanecká' and Driny Caves (Slovakia). *Journal of Cave and Karst Studies*, v. 78, n. 1, p. 41-49.2015.
- PFALLER M.A.& DIEKEMA D.J. (2004): Rare and Emerging Fungal Pathogens: Concern for Resistance beyond *Candida albicans* and *Aspergillus fumigatus*. *J. Clin.Microbiol.*,. 42(10): 4419-4431.
- PITT JI, HOCKING AD. *Fungi and food spoilage*. US: Springer; 2009.
- POLIZZI V, DELMULLE B, ADAMS A. et al. (2009). JEM spotlight: fungi, mycotoxins and microbial volatile organic compounds in mouldy interiors from water-damaged buildings. *Journal of Environmental Monitoring* 11: 1849–1858.
- PORCA, E., JURADO, V., MARTIN-SANCHEZ, P. M., HERMOSIN, B., BASTIAN, F., ALABOUVETTE, C., et al. (2011). Aerobiology: An ecological indicator for early detection and control of fungal outbreaks in caves. *Ecological Indicators*, 11, 1594–1598.
- POTIN O, VEIGNIE E, RAFIN C (2004) Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) by *Cladosporium sphaerospermum* isolated from an aged PAH contaminated soil. *FEMS Microbiol Ecol* 51:71–78. doi:[10.1016/j.femsec.2004.07.013](https://doi.org/10.1016/j.femsec.2004.07.013).
- PROKHOROV, VP, LINNIK MA. Morphological, Cultural, and Biodestructive Peculiarities of *Chaetomium* Species. *Moscow University Biological Sciences Bulletin*. 2009; 66 (3): 95-101.
- PURNOMO AS, KOYAMA F, MORI T, KONDO R. DDT degradation potential of cattle manure compost. *Chemosphere* 2010;80:619–624.

- PUSZ, W., KITA, W., & WEBER, R. (2014). Microhabitat influences the occurrence of airborne fungi in a copper mine in Poland. *Journal of Cave and Karst Studies*, 76(1), 14–19.
- RAMBAUT A (2016) FigTree – Tree Figure Drawing Tool, version 1.4.3. *Mol Evol phylogenetics Epidemiol* Available from: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software>.
- RANNALA BH, YANG Z (1996) Probability distribution of molecular evolutionary trees: A new method of phylogenetic inference. *J Mol Evol* 43:304–311. doi: 10.1007/BF02338839
- ROCHA, R. P. da. Invertebrados cavernícolas da porção meridional da Província Espeleológica do Vale do Ribeira, sul do Brasil. *Revista Brasileira de Zoologia*, Curitiba, v. 2, n. 12, p229-255, 1994.
- ROCHA, R. P. da. Sinopse da fauna cavernícola do Brasil (1907-1994). *Papéis Avulsos de Zoologia*, São Paulo, v. 39, n. 6, p61-163, 1995.
- RODRIGUEZ, K, STCHIGEL, A, GUARRO, J. Three New Species of *Chaetomium* from Soil. *Mycologia*, 2002; 94(1): 116-126.
- RONQUIST F, TESLENKO M, VAN DER MARK P, et al (2012) MrBayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst Biol* 61:539–542. doi: 10.1093/sysbio/sys029
- RUIBAL ET AL., 2005.; C RUIBAL, G PLATAS, GF BILLS. Isolation and characterization of melanized fungi from limestone formations in Mallorca. *Mycological Progress*, 4 (2005), pp. 23-38.
- SAMSON RA, FLANNIGAN B, FLANNIGAN ME. et al. (1994). *Health implications of fungi in indoor environments*. Elsevier, Amsterdam, The Netherlands.
- SAMSON RA, HOUBRAKEN J, THRANE U. et al. (2010). *Food and indoor fungi*. In: *CBS Laboratory Manual Series 2. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre*, Utrecht, The Netherland.
- SANDOVAL-DENIS, M., GENÉ, J., SUTTON, D.A. & WIEDERHOLD, N.P., CANO-LIRA, J.F. & GUARRO, T. (2016) New species of *Cladosporium* associated with human and animal infections. *Persoonia* 36: 281–298. <https://doi.org/10.3767/003158516X691951>

- SCHMIT, J.P and MUELLER, G.M. An estimate of the lower limit of global fungal 473 diversity. *Biodiversity and Conservation*, v. 16, p. 99-111, 2007.
- SCHIPPER M. On certain species of *Mucor* with a key to all accepted species. *Stud Mycol.* 1978;17: 1–52.
- SCHOCH, C.L., SEIFERT, K.A., HUHNDORF, S., ROBERT, V., SPOUGE, J.L., LEVESQUE, C.A., CHEN, W. & Fungal Barcoding Consortium. (2012) Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for *Fungi*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 109 (16): 6241–6246. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109>
- SHAPIRO, J; PRINGLE,A. Anthropogenic influences on the diversity of fungi isolated from caves in Kentucky and Tennessee. *The American midland naturalist.* v.163, n.1, p.76-86, 2010.
- SIVANESAN A (1987) Graminicolous species of *Bipolaris*, *Curvularia*, *Drechslera*, *Exserohilum* and their teleomorphs. *Mycol Pap* 158: 1–261.
- SONG, J, SOYTONG, K, KANOKMEDHAKUL, S.. Antifungal Activity of *Chaetomium elatum* against *Pyricularia oryzae* Causing Rice Blast. *International Journal of Agricultural Technology.* 2016; 12(7.1): 1437-1447.
- SPATAFORA JW, AIME MC, GRIGORIEV IV, MARTIN F, STAJICH JE, BLACKWELL M. The fungal tree of life: From molecular systematics to genomescale phylogenies. *Microbiology Spectrum.* 2017;5(5).
- SRIVASTAVA HP, BILGRAMI KS (1963) A new species of *Curvularia* on the leaves of *Carica papaya* L. *Current Science* 32(12): 558–559.
- STRAUS DC (2011). The possible role of fungal contamination in sick building syndrome. *Frontiers in Bioscience* 3: 562–580.
- STE, PALSKA, D., HARMATA, K., KASPRZYK, I., MYSZKOWSKA, D., & STACH, A. (1999). Occurrence of airborne *Cladosporium* and *Alternaria* spores in Southern and Central Poland in 1995–1996. *Aerobiologia*, 15(1), 39–47.

- SYLVIA, D.M; HARTEL, P.G; FUHRMANN, J.J; ZUBERER, D.A. Fungi. In: Principles and applications of soil microbiology. Second Edition. New Jersey: Pearson Education Inc., 2005. 6, p. 149-152.
- TAN YP, CROUS PW, SHIVAS RG (2018) Cryptic species of *Curvularia* in the culture collection of the Queensland plant pathology herbarium. *MycoKeys* 35:1–25.
- TAYLOR, E.L.S; STOIANOFF, M.A.R; FERREIRA, R.L. Mycological study for a management plan of a neotropical show cave (Brazil). *International journal of speleology*. v. 43, n.3, p.267-277, 2013.
- TAYLOR, E. L. S.; FERREIRA, R. L.; CARDOSO, P. G.; STOIANOFF, M. A. R. Cave entrance dependent spore dispersion of filamentous fungi isolated from various sediments of iron ore cave in Brazil: a colloquy on human threats while caving. *Ambient Science*. Vol.1 (1), p16-28, 2013.
- TORRES, D.E., ROJASMARTÍNEZ, R.I., ZAVALLETAMEJÍA, E., GUEVARAFEFER, P., MÁRQUEZGUZMÁN, G.J. & PÉREZMARTÍNEZ, C. (2017) *Cladosporium cladosporioides* and *Cladosporium pseudocladosporioides* as potential new fungal antagonists of *Puccinia horiana* Henn., the causal agent of chrysanthemum white rust. *PLoS ONE* 12 (1): e0170782. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170782>
- TRABULSI L.R & ALTERTHUM F. (2004): **Microbiologia**. 4th ed. Atheneu, São Paulo, SP, 718 p.
- TRAJANO, E. Fauna cavernícola brasileira: composição e caracterização preliminar. *Revista Brasileira de Zoologia*, São Paulo, v. 3, n. 8, p533-561,1987.
- TRAJANO, E.; GNASPINI, P. Composição da fauna cavernícola brasileira, com uma análise preliminar da distribuição dos táxons. *Revista Brasileira de Zoologia*, São Paulo, v. 3, n. 7, p383-407, 1991.
- TRAJANO, E.; MOREIRA, J. R. A. Estudo da fauna de cavernas da província Espeleológica arenítica Altamira-Itaituba, Pará. *Revista Brasileira de Biologia*, Rio de Janeiro, v. 51, n. 1, p13-29,1991.
- TORTORA, G.J.; FUNKE, B.R.; CASE, CL, 2017. *Microbiologia*. 12. ed., Porto Alegre: Artmed.

- UDAGAWA S, MUROI T, KURATA H. et al. (1979). The production of chaetoglobosins, sterigmatocystin, O-methylsterigmatocystin, and chaetocin by *Chaetomium* spp. and related fungi. *Canadian Journal of Microbiology* 25: 170–177.
- VAN KAN JA, VAN DEN ACKERVEKEN GFJM, DE WIT PJGM (1991) Cloning and characterization of cDNA of avirulence gene *avr9* of the fungal pathogen *Cladosporium fulvum*, causal agent of tomato leaf mold. *Mol Plant-Microbe Interact* 4:52–59.
- VANDERWOLF, K.J; MALLOCH, D; MCALPINE, D.F; FORBES, J.G.A world review of fungi, yeasts, and slime molds in caves. *International journal of speleology. USA*, v.42, n.1,p.77-96, 2013.
- VANNACCI, G, HARMA, GE.. Biocontrol of seed-borne *Alternaria raphani* and *A. brassicicola*. *Can. J. Microbiol.* 1987; 33: 850-856.
- VERMA P, SINGH S, SINGH R. (2013) Seven species of *Curvularia* isolated from three lakes of Bhopal. *Adv Life Sci Technol* 8:13–15.
- VESPER S, MCKINSTRY C, ASHLEY P, et al. (2007). Quantitative PCR analysis of molds in the dust from homes of asthmatic children in North Carolina. *Journal of environmental Monitoring* 9: 826–830.
- VOIGT K, WOLF T, OCHSENREITER K, NAGY G, KAERGER K, SHELEST E, PAPP T. IN: HOFFMEISTER D, editor. 15 Genetic and Metabolic Aspects of Primary and Secondary Metabolism of the Zygomycetes. Cham: Springer International Publishing; 2016. p. 361–85.).
- VON ARX JA, GUARRO J, FIGUERAS MJ (1986). The Ascomycete genus *Chaetomium*. *Beihefte zur Nova Hedwigia* 84: 1–162.
- WALTHER G, PAWŁOWSKA J, ALASTRUEY-IZQUIERDO A, et al. DNA barcoding in Mucorales: an inventory of biodiversity. *Persoonia*. 2013;30(1):11–47.
- WAGNER L, STIELOW B, HOOG S, SCHWARTZE V, KURZAI O, WALTHER G. A new species concept for the clinically relevant *Mucor circinelloides* complex. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*; 2019).

- WANG XW, LOMBARD L, GROENEWALD JZ, et al. (2016). Phylogenetic reassessment of the *Chaetomium globosum* species complex. *Persoonia* 36: 83–133.
- WANG XW, HOUBRAKEN J, GROENEWALD JZ, et al. (2016a). Diversity and taxonomy of *Chaetomium* and chaetomium-like fungi from indoor environments. *Studies in Mycology* 84: 145–224.
- WANG XW, LOMBARD L, GROENEWALD JZ, et al. (2016b). Phylogenetic reassessment of the *Chaetomium globosum* species complex. *Persoonia* 36: 83–133.
- WANG XW, YANG FY, MEIJER M, et al. (2019). Redefining *Humicola* sensu stricto and related genera in the Chaetomiaceae. *Studies in Mycology* 93: 65–153.
- WHITE MM, JAMES TY, O'DONNELL K, CAFARO MJ, TANABE Y et al. Phylogeny of the Zygomycota based on nuclear ribosomal sequence data. *Mycologia* 2006;98:872–884) (Madden AA, Stchigel AM, Guarro J, Sutton D, Starks PT. *Mucor nidicola* sp. nov., a fungal species isolated from an invasive paper wasp nest. *Int J Syst Evol Microbiol* 2012;62:1710–1714.)
- WHO (2009). WHO guidelines for indoor air quality: dampness and mould. World Health Organization Regional Office for Europe, Copenhagen.
- YAZDI MT, ZARRINI G, MOHIT E, FARAMARZI MA, SETAYESH N et al. *Mucor hiemalis*: a new source for uricase production. *World J Microbiol Biotechnol* 2006;22:325–330.).
- ZAMPAULO, R. A. Diversidade de invertebrados cavernícolas na Província Espeleológica de Arcos, Pains, Doresópolis (MG) – Subsídios para a determinação de áreas prioritárias para conservação. Dissertação. Universidade Federal de Lavras. Lavras, 190p, 2010
- ZHANG, Z.F.; LIU, F.; ZHOU, X.; LIU, X.Z.; LIU, S.J.; CAI, L. Culturable mycobiota from Karst caves in China, with descriptions of 20 new species. *Persoonia* 39: 1–31, 2017.