

## CAPÍTULO 4

# MUCOROMYCETA EM SOLOS DO SEMIÁRIDO PERNAMBUCANO: DIVERSIDADE E PADRÕES ECOLÓGICOS ENTRE BREJOS DE ALTITUDE E CAATINGA



<https://doi.org/10.22533/at.ed.507112501044>

Data de aceite: 16/06/2025

### **Marianne Feitoza da Silva**

Universidade Federal do Agreste de  
Pernambuco  
Garanhuns – Pernambuco

### **Erika Valente de Medeiros**

Universidade Federal do Agreste de  
Pernambuco  
Garanhuns – Pernambuco

### **Rafael José Vilela de Oliveira**

Universidade Federal do Agreste de  
Pernambuco  
Garanhuns – Pernambuco

### **Diogo Paes da Costa**

Universidade Federal do Agreste de  
Pernambuco  
Garanhuns – Pernambuco

### **Jamilly Alves de Barros**

Universidade Federal do Agreste de  
Pernambuco  
Garanhuns – Pernambuco

### **Carlos Alberto Fragoso de Souza**

Universidade Federal do Agreste de  
Pernambuco  
Garanhuns – Pernambuco

**RESUMO:** O presente estudo teve como

objetivo identificar e caracterizar espécies de Mucoromyceta isoladas de solos de brejo de altitude e Caatinga no semiárido pernambucano, avaliando a diversidade, frequência e abundância relativa. As coletas de solo foram realizadas nos municípios de Garanhuns e Triunfo, e os isolamentos e identificações conduzidos no Laboratório de Enzimologia e Microbiologia Ambiental da Universidade Federal do Agreste de Pernambuco. Foram identificadas 41 espécies pertencentes aos filos Mucoromycota e Mortierellomycota, com predominância dos gêneros *Mucor*, *Cunninghamella*, *Absidia* e *Backusella*. Os solos de brejo de altitude apresentaram maior diversidade ( $H' = 2,265$  a  $2,650$ ), riqueza de espécies e atividade enzimática ( $\beta$ -glucosidase, fosfatase ácida e urease), evidenciando maior fertilidade e influência na composição microbiana. Análises de Redundância (ARD) indicaram que os parâmetros químicos e enzimáticos do solo explicam a distribuição das espécies, com algumas associadas a ambientes mais ácidos e ricos em nutrientes. As espécies mais frequentes e abundantes foram *Gongronella butleri* e *Cunninghamella bertholletiae*. Os resultados evidenciam que a composição e a funcionalidade de

Mucoromyceta respondem a gradientes edafoclimáticos e a impactos antrópicos, atuando como marcadores da qualidade do solo e potenciais aliados em estratégias de manejo sustentável.

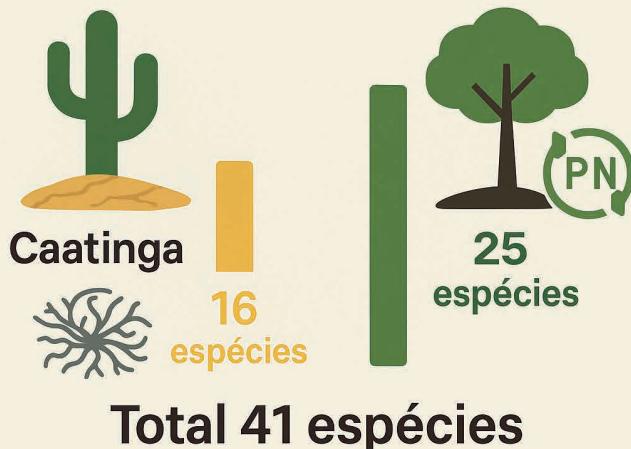
**PALAVRAS-CHAVE:** Diversidade fúngica; microbioma edáfico; ciclagem de nutrientes.

## MUCOROMYCETA IN SOILS OF THE SEMI-ARID REGION OF PERNAMBUCO: DIVERSITY AND ECOLOGICAL PATTERNS BETWEEN UPLAND RAINFOREST AND CAATINGA

**ABSTRACT:** This study aimed to identify and characterize species of Mucoromyceta isolated from soils of upland rainforest and Caatinga in the semi-arid region of Pernambuco, assessing their diversity, frequency, and relative abundance. Soil samples were collected in the municipalities of Garanhuns and Triunfo, and isolations and identifications were conducted at the Laboratory of Enzymology and Environmental Microbiology of the Federal University of the Agreste of Pernambuco. A total of 41 species belonging to the phyla Mucoromycota and Mortierellomycota were identified, with a predominance of the genera *Mucor*, *Cunninghamella*, *Absidia*, and *Backusella*. Upland rainforest soils showed higher diversity ( $H' = 2.265$  to  $2.650$ ), species richness, and enzymatic activity ( $\beta$ -glucosidase, acid phosphatase, and urease), indicating greater fertility and influence on microbial composition. Redundancy Analysis (RDA) revealed that soil chemical and enzymatic parameters explain species distribution, with some taxa associated with more acidic and nutrient-rich environments. The most frequent and abundant species were *Gongronella butleri* and *Cunninghamella bertholletiae*. The results demonstrate that the composition and functionality of Mucoromyceta respond to edaphoclimatic gradients and anthropogenic impacts, acting as indicators of soil quality and potential allies in sustainable management strategies.

**KEYWORDS:** Fungal diversity; soil mycobiome; nutrient cycling.

# Comunidades de Mucoromyceta no solo: Caatinga vs Brejo de altitude



## 1. INTRODUÇÃO

O solo é um dos principais substratos microbianos e a diversidade da microbiota edáfica contempla espécies de todos os grupos de microrganismos, dentre eles, os fungos, conferindo elevadas heterogeneidades metabólica e fisiológica (WAGG et al., 2019). As populações de fungos presentes neste habitat desempenham um papel importante nos processos ecológicos globais, onde várias espécies são decompositoras da matéria orgânica (BALDRIAN et al., 2022). Dentre os fungos presentes no solo, destacam-se os pertencentes ao sub-reino Mucoromyceta Doweld, cuja maioria das espécies são decompositoras primárias e pioneiras nos processos de colonização e sucessão ecológica nesse ambiente (ALBORNOZ et al., 2021).

Contudo, apesar da relevância ecológica e biotecnológica desses fungos — que vai da produção de enzimas e ácidos orgânicos à ocorrência de patógenos oportunistas —, as comunidades de Mucoromyceta em ecossistemas tropicais permanecem sub-amostradas e pouco compreendidas (ZHANG et al., 2024; SPATAFORA et al., 2021).

Neste sentido, o Nordeste brasileiro abriga sistemas de vegetação contrastantes como a Caatinga, bioma semiárido sujeito a fortes déficits hídricos, e os brejos de altitude, ilhas úmidas e frias inseridas em um mosaico de serras. Estudos recentes indicam que esses enclaves úmidos podem sustentar uma micobiofa singular em comparação com a matriz semiárida (BARBOSA et al., 2022; de SOUZA et al., 2022).

A elevada pluviosidade, as temperaturas mais amenas e a vegetação típica de florestas úmidas nos brejos de altitude têm atraído atividades agropecuárias, com destaque para lavouras permanentes (banana, café e citros) e temporárias (hortaliças, mandioca, milho e feijão), fundamentais à economia local (ARAUJO et al., 2021). No entanto, o uso desordenado tem causado degradação ambiental, fragmentação de habitats e perda significativa da vegetação original, reduzida de 16.000 km<sup>2</sup> para cerca de 2.500 km<sup>2</sup>, com sérias implicações para a biodiversidade incluindo as comunidades fúngicas (Cavalcanti & Tabarelli, 2004; Tabarelli & Santos, 2004).

Embora o importante papel ecológico desempenhados pelos fungos em ambientes edáficos, como em solo de ecossistemas semiáridos, tenha sido referido, o número de espécies de fungos em áreas pouco inventariadas tem sido subestimado, sobretudo em ambientes de brejos de altitude e Caatinga. Dessa forma, o presente estudo tem por objetivo (i) inventariar a micobiofauna de Mucoromyceta nos solos de Triunfo e Garanhuns, comparando áreas de Caatinga e brejo de altitude; (ii) estimar padrões de frequência, abundância relativa e riqueza de espécies; e (iii) relacionar a distribuição dos táxons aos gradientes físico-químicos e enzimáticos do solo.

## 2. METODOLOGIA

### 2.1 Áreas de estudo

As amostras de solo foram coletadas em duas áreas representativas de ecossistemas de brejos de altitude e de Caatinga circundante, localizadas nos municípios de Garanhuns e Triunfo, no estado de Pernambuco, Brasil.

Em Triunfo, as coletas foram realizadas no Sítio Carro Quebrado, situado na bacia hidrográfica do rio Pajeú, caracterizada por uma vegetação predominantemente de floresta subdecídua. O clima local é classificado como quente e úmido, segundo Köppen, com temperatura média anual de 25 °C. A precipitação anual atinge 1.222 mm, concentrando-se principalmente nos meses de março e abril, com um período seco de aproximadamente sete meses (MME, 2005).

Em Garanhuns, as amostras foram coletadas em áreas inseridas na Mesorregião do Agreste, a aproximadamente 230 km de Recife. A vegetação é composta por formações de brejos de altitude, associadas a fragmentos de Caatinga. O clima é classificado como tropical de altitude (Cw'a), segundo Köppen-Geiger, com temperatura mínima média anual de 16,9 °C e máxima média de 25,5 °C. A pluviosidade anual apresenta variações típicas da região, com chuvas concentradas nos meses de outono e inverno (EMBRAPA, 2000; IBGE, 2011).

## **2.2 Coleta do solo**

Duas coletas de solo foram realizadas em cada um dos ecossistemas citados no item 2.1. Em cada ponto de coleta, foram distribuídos aleatoriamente cinco quadrantes de 25 m<sup>2</sup> (5 x 5 m), respeitando a distância mínima de 10 m entre eles. Em cada quadrante, foram coletadas seis subamostras de solo, em pontos equidistantes, a uma profundidade de 5 cm, totalizando 30 subamostras de solo, para cada área, por coleta. As amostras foram acondicionadas em sacos plásticos esterilizados, conservadas em caixas de isopor com gelo e transportadas para o Laboratório de Enzimologia e Microbiologia Ambiental da Universidade Federal Rural de Pernambuco - LEMA/UFAPE. No laboratório, foram homogeneizados volumes iguais das seis subamostras de cada quadrante, originando duas amostras compostas por quadrante, totalizando dez amostras compostas por área, em cada coleta.

## **2.3 Isolamento, purificação e identificação dos Mucoromyceta**

Para o isolamento dos espécimes de Mucoromyceta, cinco miligramas de solo foram inoculados no meio de cultura ágar gérmen de trigo (Benny, 2008) adicionado de cloranfenicol (100 mg L<sup>-1</sup>), contido em placas de Petri em triplicada. O crescimento das colônias foi acompanhado por 96 h à temperatura ambiente (28 + 2 °C). Para a purificação, um fragmento de cada colônia foi transferido para o meio de cultura ágar gérmen de trigo adicionado de cloranfenicol (100 mg L<sup>-1</sup>) e após a confirmação da pureza foi transferido para tubo de ensaio contendo o meio BDA (Lacaz et al., 2002).

A identificação dos espécimes foi realizada pela observação das características macroscópicas (coloração, aspecto e diâmetro das colônias) e microscópicas (microestruturas), com base nas descrições de Benjamin e Hesseltine (1957), Benjamin (1959), Upadhyay (1969), Schipper (1978, 1984), Zheng e Chen (2001) e Hoffmann et al. (2007).

## **2.4 Análise Química do Solo**

As amostras de solo foram obtidas na camada superficial (0–10 cm), em áreas próximas ao sistema radicular das plantas. A acidez do solo (pH) foi mensurada em solução aquosa na proporção 1:2,5. Os níveis de fósforo disponível, sódio (Na<sup>+</sup>) e potássio (K<sup>+</sup>) foram extraídos com a solução extratora Mehlich-1, segundo protocolo descrito por Teixeira (2017). A concentração de fósforo foi quantificada por espectrofotometria, seguindo o método clássico estabelecido por Braga e Defelipo (1947). As concentrações de Na<sup>+</sup> e K<sup>+</sup> foram determinadas por fotometria de chama. O teor de carbono orgânico total (COT) foi analisado pelo método de combustão seca em mufla, conforme metodologia descrita por Teixeira (2017).

## **2.5 Determinação da Biomassa Microbiana e das Atividades Enzimáticas do Solo**

A extração do carbono da biomassa microbiana (CBM) foi realizada através do método de irradiação, conforme descrito por Mendonça e Matos (2005). A remoção e quantificação da biomassa seguiram os procedimentos descritos por Vance et al. (1987) e Tate et al. (1988), utilizando solução de  $K_2SO_4$  0,5 M como agente extrator. Posteriormente, o CBM foi quantificado utilizando-se a técnica colorimétrica de Bartlett e Ross (1988).

As atividades enzimáticas do solo foram determinadas com base na quantificação de produtos liberados após incubação com substratos específicos. As atividades das enzimas fosfatase ácida (EC 3.1.3.2) e fosfatase alcalina (EC 3.1.3.1) foram avaliadas utilizando p-nitrofenil fosfato dissódico como substrato, com incubação a 37°C durante 1 hora; a liberação de p-nitrofenol foi quantificada a 420 nm, segundo Tabatabai e Bremner (1969). A atividade da  $\beta$ -glucosidase (EC 3.2.1.21) foi avaliada incubando o solo com p-nitrofenil  $\beta$ -glucopiranósideo sob as mesmas condições de temperatura e tempo, com leitura a 400 nm (Eivazi e Tabatabai, 1988). A arilsulfatase (EC 3.1.6.1) foi determinada com base na liberação de p-nitrofenol após incubação com solução de p-nitrofenil sulfato de potássio (Spencer, 1958). A atividade de urease (EC 3.5.1.5) foi medida após incubação do solo com ureia por 2 horas a 37°C, com quantificação do amônio liberado a 660 nm.

## **2.6 Análises dos dados ecológicos**

Baseados nas contagens e classificações das espécies fúngicas, foram calculados vários indicadores ecológicos para esclarecer o papel das espécies na comunidade como um todo. A abundância relativa e a frequência de ocorrência (FO) das espécies foram estimadas segundo as recomendações de Hyde e Sarma (2001). Estimativa da diversidade de espécies de Mucoromyceta nas áreas de estudo foram feitas pelo índice de Shannon-Wiene, sendo o perfil de diversidade calculado pela série de Hill para cada área (Hill, 1973). A comparação das comunidades fúngicas entre os solos dos brejos de altitude inventariados foi realizada através da Análise de Similaridade (ANOSIM), ressaltando a espécie indicadora de acordo com os algoritmos estabelecidos por Dufrêne e Legendre (1997). A significância do valor indicador (IndVal) para cada espécie foi avaliada utilizando o teste de Monte Carlo e as espécies foram consideradas indicadoras quando apresentaram  $p < 0,05$  e IndVal maior ou igual a 40% (Kubosova et al., 2010). A acumulação de espécies e cálculo da riqueza total foram feitos no programa Primer (Clarke e Gorley, 2006), enquanto as análises de variância (ANOVA) foram feitas no programa Statistica (Statsoft, 1997).

## 2.7 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Todos os dados foram analisados utilizando o software R v.4.2.3. A suposição de normalidade foi testada pelo teste de Shapiro-Wilk, e as médias das variáveis com variâncias significativas foram comparadas pelo teste de Tukey (HSD). Um nível de significância de 5% ( $\alpha = 0,05$ ) foi adotado para todos os testes estatísticos. A Análise de Componentes Principais (PCA) foi realizada para explorar correlações entre as variáveis, utilizando os recursos do pacote ‘factoextra’ do R.

## 3. RESULTADOS

Foram isolados fungos a partir de amostras compostas de cada fisionomia vegetal, quantificadas as unidades formadoras de colônia por grama (UFC g<sup>-1</sup>) e determinadas as atividades de fosfatase ácida,  $\beta$ -glucosidase e urease, além de variáveis químicas do solo. A prospecção inicial resultou na identificação de 41 espécies distribuídas em nove gêneros de Mucormycota e dois de Mortierellomycota, revelando um espectro taxonômico expressivo para ambientes tropicais semiáridos e úmidos.

Dentre as áreas inventariadas, dos solos de Triunfo foram identificados 26 táxons pertencentes aos gêneros de Mucormycota: *Absidia* Tiegh., *Actinomucor* Schostak., *Backusella* Hesselt. & JJ Ellis, *Cunninghamella* Matr., *Gongronella* Ribaldi, *Lichtheimia* Vuill., *Mucor* Fresen., *Rhizopus* Ehrenb. e *Syncephalastrum* J. Schröt. (Tabela 1). Destes, 11 espécies foram identificadas para as áreas de vegetação de Caatinga e 20 espécies para as áreas de brejo de altitude. Para os solos de Garanhuns, foram identificados 29 táxons classificados nos gêneros: *Absidia*, *Backusella*, *Cunninghamella*, *Gongronella*, *Mucor*, *Rhizopus*, *Syncephalastrum*, *Umbelopsis* Amos & HL Barnett (Mucormycota), *Mortierella* Coem. (Mortierellomycota) (Tabela 2). Destes, 14 espécies foram identificadas para as áreas de Caatinga, enquanto 20 foram isoladas para os solos de brejo.

Triunfo	UFC g <sup>-1</sup> solo	Fi total	AR
<b>Mucormyceta</b>			
<b>Mucormycota</b>			
Espécies		%	%
<i>Absidia caatingaensis</i> D.X. Lima & AL Santiago	1600	0,17	0,46
<i>A. cornuta</i> DX Lima, CAF Souza, Hyang B. Lee & AL Santiago	1000	0,10	0,29
<i>A. cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i> Hagem	600	0,06	0,17
<i>A. pernambucoensis</i> DX Lima, Souza-Motta & AL Santiago	400	0,04	0,12
<i>A. Pseudocylindrospora</i> Hesselt. & JJ Ellis	200	0,02	0,06
<i>Actinomucor elegans</i> (Eidam) CR Benj. & Hesselt.	1800	0,21	0,52
<i>Backusella constricta</i> DX Lima, CAF de Souza & AL Santiago	200	0,02	0,06

<i>B. lamprospora</i> (Lendl.) Benny & RK Benj.	1800	0,21	0,52
<i>B. pernambucensis</i> TRL Cordeiro, Hyang B. Lee, CAF Souza & AL Santiago	1000	0,10	0,29
<i>Cunninghamella bertholletiae</i> Stadel	3800	0,40	1,10
<i>C. clavata</i> RY Zheng & GQ Chen	800	0,08	0,23
<i>C. echinulata</i> var. <i>antarctica</i> (Caretta & Piont.) RY Zheng & GQ Chen	600	0,06	0,17
<i>C. echinulata</i> var. <i>echinulata</i> (Thaxt.) Thaxt. ex-Blakeslee	800	0,08	0,23
<i>C. elegans</i> Lendl.	400	0,04	0,12
<i>Gongronella brasiliensis</i> CAF de Souza, DX Lima & AL Santiago	600	0,06	0,17
<i>G. butleri</i> (Lendl.) Peyronel & Dal Vesco	7000	0,73	2,03
<i>Lichtheimia corymbifera</i> (Cohn) Vuill.	200	0,02	0,06
<i>Mucor jansseni</i> Lendl.	200	0,02	0,06
<i>M. hiemalis</i> Wehmer	200	0,02	0,06
<i>M. indicus</i> Lendl.	200	0,02	0,06
<i>M. irregularis</i> Stchigel, Cano, Guarro & Ed. Álvarez	200	0,02	0,06
<i>M. lanceolatus</i> Hermet	200	0,02	0,06
<i>M. luteus</i> Linnem.	200	0,02	0,06
<i>M. septatiphorus</i> C.AF de Souza, TRL Cordeiro & AL Santiago	200	0,02	0,06
<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i> A. Fisch.	200	0,02	0,06
<i>R. stolonifera</i> (Ehrenb.) Vuill.	800	0,08	0,23

\*UFC g<sup>-1</sup> solo – número de unidades formadoras de colônia por grama de solo; Fi total – frequência de ocorrência das espécies; AR – abundância relativa das espécies.

**Tabela 1.** Unidades formadoras de colônias, frequência de ocorrência e abundância relativa de Muromyceta dos solos de Triunfo – PE.

Considerando todas as áreas de estudo, *Mucor* foi o gênero com maior número de táxons registrados (17; 38% dos táxons), seguido por *Cunninghamella* (sete; 16%), *Absidia* (cinco; 11%) e *Backusella* (quatro; 9%). Para *Gongronella* três espécies (7%) de cada gênero foram reportadas, enquanto duas espécies de *Rhizopus*, *Umbelopsis* e *Mortierella* (4%) foram isoladas. *Actinomucor*, *Lichtheimia*, *Syncephalastrum* foram representados por uma única espécie (2%) para cada gênero (Tabela 2).

Garanhuns	UFC g <sup>-1</sup> solo	Fi total	AR
Espécies		%	%
<i>Absidia caatingaensis</i> D.X. Lima & AL Santiago	1600	0,17	0,46
<i>A. cornuta</i> DX Lima, CAF Souza, Hyang B. Lee & AL Santiago	3000	0,31	0,87
<i>A. cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i> Hagem	2800	0,29	0,81
<i>A. pernambucoensis</i> DX Lima, Souza-Motta & AL Santiago	400	0,04	0,12
<i>Backusella lamprospora</i> (Lendl.) Benny & RK Benj.	600	0,06	0,17
<i>Cunninghamella bertholletiae</i> Stadel	2200	0,23	0,64
<i>C. echinulata</i> var. <i>echinulata</i> (Thaxt.) Thaxt. ex-Blakeslee	600	0,06	0,17
<i>C. echinulata</i> var. <i>verticillata</i> (FS Paine) RY Zheng & GQ Chen	400	0,04	0,12
<i>C. gigacellularis</i> AL Santiago, CL Lima & CAF de Souza	200	0,02	0,06
<i>Gongronella</i> sp.	200	0,02	0,06
<i>G. brasiliensis</i> CAF de Souza, DX Lima & AL Santiago	400	0,04	0,12
<i>G. butleri</i> (Lendl.) Peyronel & Dal Vesco	2000	0,21	0,58
<i>Mucor</i> sp.	400	0,04	0,12
<i>M. circinelloides</i> Tiegh.	600	0,06	0,17
<i>M. griseocyanus</i> Hagem	400	0,04	0,12
<i>M. jansseni</i> Lendl.	400	0,04	0,12
<i>M. variicolumnellatus</i> L. Wagner & G. Walther	800	0,08	0,23
<i>M. lusitanicus</i> Bruderl.	400	0,04	0,12
<i>M. guilliermondii</i> Nadson & Filippov	200	0,02	0,06
<i>M. luteus</i> Linnem.	200	0,02	0,06
<i>M. septatiphorus</i> C.AF de Souza, TRL Cordeiro & AL Santiago	200	0,02	0,06
<i>M. souzae</i> CAF de Souza, DX Lima & AL Santiago	200	0,02	0,06
<i>Rhizopus arrhizus</i> var. <i>arrhizus</i> A. Fisch.	400	0,04	0,12
<i>R. stolonifera</i> (Ehrenb.) Vuill.	400	0,04	0,12
<i>Syncephalastrum racemosum</i> Cohn ex J. Schröt.	200	0,02	0,06
<i>Umbelopsis ramanniana</i> (Möller) W. Gams	200	0,02	0,06
<i>U. heterosporus</i> CAF Souza, DX Lima & AL Santiago	400	0,04	0,12

Mortierellomycota		Espécies	600	0,06	0,17
<i>Mortierella</i> sp.			600	0,06	0,17
<i>M. turficola</i> Y. Ling			200	0,02	0,05

\*UFC g<sup>-1</sup> solo – número de unidades formadoras de colônia por grama de solo; Fi total – frequência de ocorrência das espécies; AR – abundância relativa das espécies.

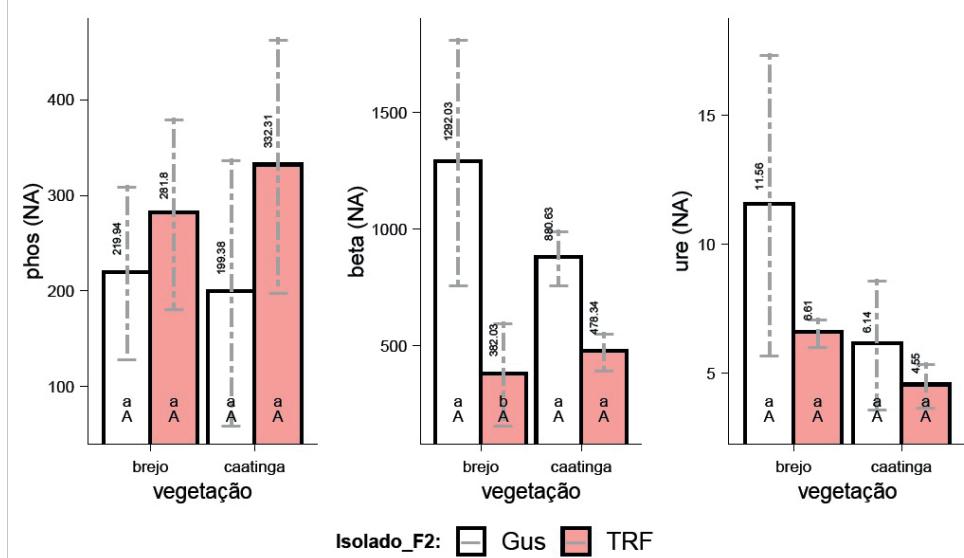
**Tabela 2.** Unidades formadoras de colônias, frequência de ocorrência e abundância relativa de Muromyceta dos solos de Garanhuns – PE.

Os solos de Triunfo apresentaram maiores valores de unidades formadoras de colônia de Mucoromyceta por grama de solo ( $2,52 \times 10^4$  de UFC g<sup>-1</sup> de solo), seguindo pelos solos de Garanhuns ( $2,06 \times 10^4$  de UFC g<sup>-1</sup> de solo). Para os solos de Triunfo, *Gongronella butleri* apresentou maior número de UFC.g<sup>-1</sup> de solo ( $7 \times 10^3$ ), seguida por *C. bertholletiae* ( $3,8 \times 10^3$ ) e *Actinomucor elegans* e *Backusella lamprospora* ambos com ( $1,8 \times 10^3$ ) (Tabela 1), enquanto do solo de Garanhuns, as espécies que apresentaram os maiores valores de UFC g<sup>-1</sup> de solo foram *Absidia cornuta* ( $3 \times 10^3$ ), *A. cylindrospora* var. *cylindrospora* ( $2,8 \times 10^3$ ) e *C. bertholletiae* ( $2,2 \times 10^3$ ) (Tabela 2).

Dentre os isolados, *G. butleri* apresentou a maior frequência de ocorrência (Fi = 0,94%), seguida por *C. bertholletiae* (0,63%,) e *A. cornuta* (0,42%). Considerando a classificação de frequência de ocorrência indicadas por Hyde & Sarma (2001), onde índices com valores (> 1%) representam espécies muito frequentes, para amostras com (0,5–1%) frequentes, pouco frequentes ( $\geq 0,1 < 0,5\%$ ) e raras ( $< 0,1\%$ ), *G. butleri*, *C. bertholletiae* e *A. cornuta* foram classificadas como frequentes nos solos estudados, enquanto *A. cylindrospora* var. *cylindrospora*, *B. lamprospora*, *Act. elegans*, *C. echinulata* var. *echinulata* e *B. pernambucensis* pouco frequente. As demais espécies foram raras nos solos das áreas inventariados.

Em relação à abundância relativa, a maioria dos táxons isolados foi classificado como raros. Apenas *G. butleri* (AR = 2,61%), *C. bertholletiae* (1,74%) e *A. cornuta* (1,16%) foram abundantes, enquanto *A. cylindrospora* var. *cylindrospora* (0,98), *A. caatingaeensis* (0,93) e *B. lamprospora* foram ocasionais para os solos estudados.

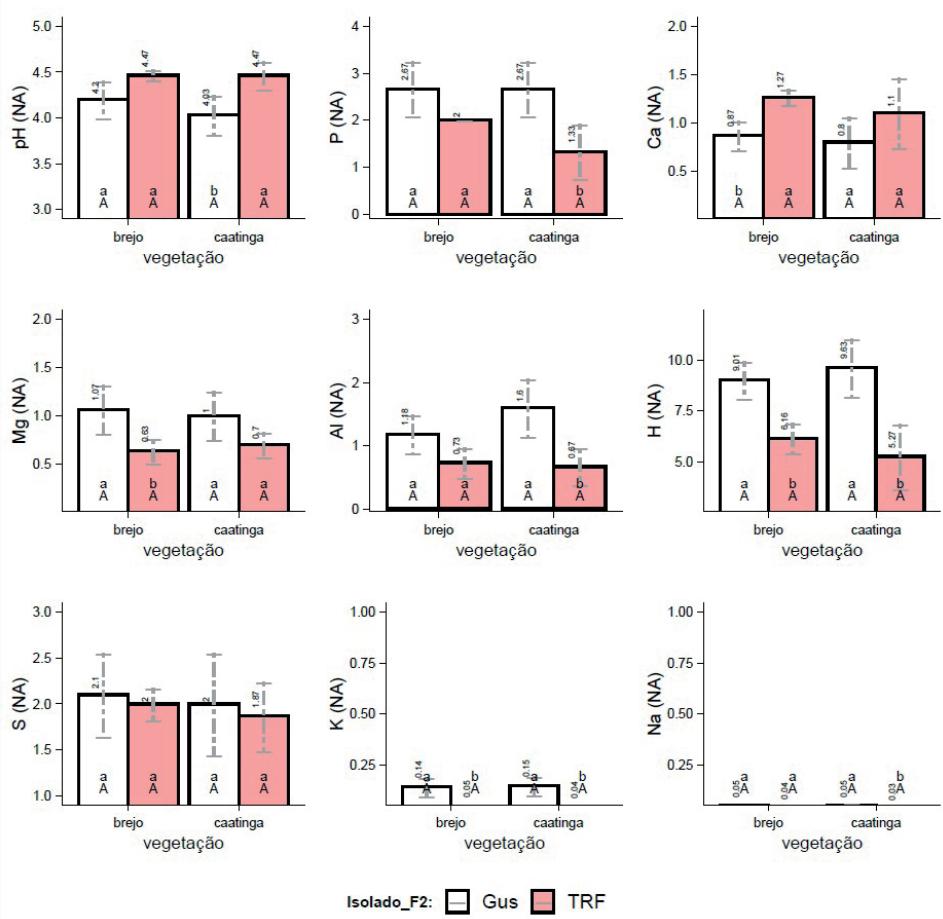
As atividades enzimáticas de fosfatase ácida (phos), β-glucosidase (beta) e urease (ure) foram maiores nos solos de brejo em comparação com os da Caatinga, com valores médios de 282,03, 880,63 e 6,61 μmol g<sup>-1</sup> solo h<sup>-1</sup>, respectivamente (Figura 1). Esse aumento nas atividades enzimáticas sugere maior disponibilidade de nutrientes e condições favoráveis para o metabolismo microbiano em ambientes de brejo, em contraste com as condições mais áridas da Caatinga.



Médias seguidas por diferentes letras minúsculas (dentro do mesmo nível vegetação - F1) e maiúsculas (dentro do mesmo nível de região - F2) também diferiram entre si, de acordo com o teste de Tukey HSD ao nível de 5% de significância.

**Figura 1.** Atividades enzimáticas da fosfatase ácida (phos),  $\beta$ -glucosidase (beta) e urease (ure) em solos de brejo e Caatinga. Os valores são expressos em  $\mu\text{mol g}^{-1}$  solo  $\text{h}^{-1}$ .

O solo de brejo apresentou pH ácido, com média de 4,47, enquanto o pH no solo da Caatinga foi ligeiramente inferior, em torno de 4,03. Esse gradiente de acidez pode influenciar a diversidade de espécies fúngicas, favorecendo fungos acidófilos nos brejos. Além disso, elementos como o cálcio (Ca), magnésio (Mg) e potássio (K) apresentaram teores mais elevados nos solos de brejo, com valores médios de 1,07, 0,87 e 0,14 cmol  $\text{kg}^{-1}$ , respectivamente, em comparação com a Caatinga (Figura 2). Isso pode evidenciar maior fertilidade nos solos de brejo, o que pode suportar maior diversidade e atividade microbiana.



Médias seguidas por diferentes letras minúsculas (dentro do mesmo nível vegetação - F1) e maiúsculas (dentro do mesmo nível de região - F2) também diferiram entre si, de acordo com o teste de Tukey HSD ao nível de 5% de significância.

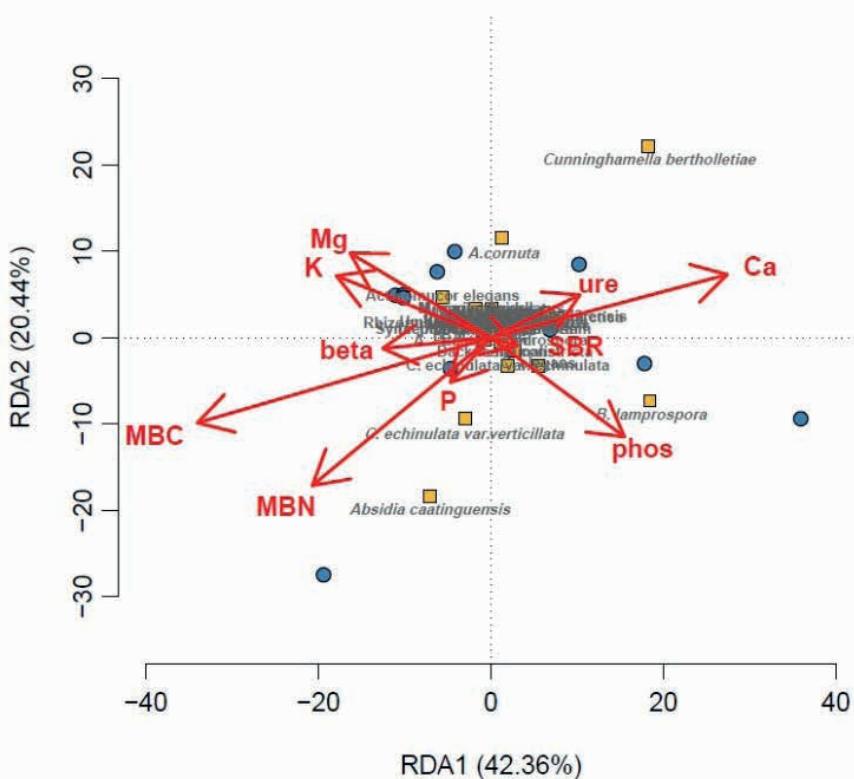
**Figura 2.** Propriedades químicas dos solos em áreas de brejo e Caatinga, incluindo pH, fósforo (P), cálcio (Ca), magnésio (Mg), alumínio (Al), hidrogênio (H), enxofre (S), potássio (K) e sódio (Na).

A diversidade dos Mucoromyceta foi maior para os solos de brejo de altitude ( $H' = 2,265$ ) nas áreas de Triunfo e ( $H' = 2,650$ ) para as de Garanhuns. Da mesma forma os maiores índices de riqueza de espécies foram observados nos solos de brejo ( $S = 20$  e  $S = 21$ ), respectivamente. A equitabilidade entre os solos das áreas inventariadas foram similares, excetuando-se as áreas de brejo de Triunfo, que apresentou índices um pouco menores (Tabela 3).

Áreas de estudo	S	H'	J'
TRF Caa	12	2,153	0,8666
TRF Bre	20	2,265	0,756
GUS Caa	14	2,199	0,8331
GUS Bre	21	2,65	0,8703

A análise de Redundância (RDA) evidenciou a segregação das espécies de Mucoromyceta de acordo com os parâmetros químicos e enzimáticos dos solos. Espécies como *A. caatingaensis* e *B. lamprospora* mostraram-se mais associadas às condições de solo da Caatinga, enquanto espécies como *C. bertholletiae* e *M. hiemalis* foram mais abundantes em solos de brejo (Figura 3). A RDA indicou que o eixo 1 explicou 42,36% da variação, sugerindo que a composição de espécies fúngicas é fortemente influenciada pelos gradientes de fertilidade e acidez do solo.

**Tabela 3.** Riqueza (S), índice de diversidade de Shannon Wiener (H'), equitabilidade de Pielou's e índice de Margalef das comunidades dos Mucoromyceta em solos de Triunfo (TRF – Caa = Caatinga, BRE = brejo) e Garanhuns (GUS – Caa = Caatinga; Bre = brejo).



**Figura 3.** Análise de Redundância (RDA) mostrando a distribuição das espécies de Mucoromyceta em função das características químicas e enzimáticas dos solos de brejo e Caatinga.

### **3. DISCUSSÃO**

As comunidades de Mucoromycota e Mortierellomycota reveladas no presente estudo confirmam o papel central que fungos de linhagem basal exercem na colonização inicial de resíduos vegetais e na montagem de redes tróficas edáficas, corroborando a visão filogenômica de que esses grupos preservam características ancestrais essenciais para a adaptação terrestre dos fungos (SPATAFORA et al., 2023; BONFANTE & DESIRÒ, 2019).

Foram isoladas 41 espécies distribuídas em 11 gêneros, número comparável — embora obtido por metodologias de cultivo distintas — à riqueza de 84 táxons foliícolas relatados em brejos de altitude de Pernambuco (BARBOSA et al., 2022), e superior às 29 espécies coprófilas descritas recentemente para a Caatinga (CALAÇA et al., 2023), indicando que solos tropicais semiáridos e úmidos ainda constituem reservatórios taxonômicos subexplorados.

No presente estudo, observou-se maior riqueza e uniformidade de abundância nos brejos em comparação à Caatinga, reforçando a hipótese de que regimes mais elevados de precipitação, sombreamento e maior aporte de serapilheira promovem nichos favoráveis para fungos saprófitos em ecossistemas de solo (TEDERSOO et al., 2020; CLOCCHIATTI et al., 2020; LI et al., 2022). Gradientes de umidade e temperatura também são reconhecidos como fortes preditores da composição fúngica em ecótonos tropicais (ZHANG et al., 2024).

As análises de redundância canônica indicaram que o pH, o magnésio trocável ( $Mg^{2+}$ ) e o teor de umidade explicaram mais de 40% da variação na estrutura comunitária. Esses achados são consistentes com observações em pastagens temperadas, onde Mucoromycota tendem a se concentrar em micro-hotspots de nutrientes associados a solos levemente ácidos e ricos em matéria orgânica (CHENG et al., 2021), sugerindo o potencial desses grupos como bioindicadores de alterações edafoclimáticas.

As atividades enzimáticas da fosfatase ácida,  $\beta$ -glucosidase e urease foram significativamente mais altas nos brejos, indicando uma maior capacidade de mineralização de P, C e N nesses ambientes. Estudos com endófitos de raiz fina de Mucoromycotina evidenciam que esses fungos podem aumentar a eficiência na aquisição de fósforo sob condições de limitação nutricional (MENG et al., 2024), além de estabelecerem zonas de intensa ciclagem em associação com bactérias nitrificantes (CHENG et al., 2021), o que pode contribuir para os perfis enzimáticos observados.

Embora não tenham sido isolados nas amostras analisadas, destaca-se que os *Mucoromycotina fine root endophytes* (MFRE) constituem um grupo distinto e recentemente caracterizado de fungos micorrízicos, que estabelecem associações simbióticas com as raízes de diversas espécies vegetais. No passado, foram frequentemente confundidos com fungos micorrízicos arbusculares (FMA) do subfilo Glomeromycotina (CHENG et al., 2021),

o que reforça a necessidade de aprofundamento na elucidação de suas características funcionais e evolutivas.

A conversão de fragmentos florestais em pastagens na Caatinga esteve associada à presença de fungos do filo Mortierellomycota, notadamente do gênero *Mortierella*, embora com baixas abundâncias relativas. Essa ocorrência coincidiu com maiores taxas potenciais de mineralização de carbono em solos sob uso intensivo. *Mortierella* é reconhecida por sua habilidade saprofítica na decomposição de matéria orgânica e na facilitação da mineralização de carbono (OZIMEK & HANAKA, 2021). Sua presença em ambientes perturbados, como pastagens com aporte regular de resíduos herbáceos, sugere aclimatações específicas em resposta à maior disponibilidade de substratos orgânicos.

A intensificação do uso da terra alterou significativamente as redes de coocorrência fúngica, resultando em comunidades estruturalmente simplificadas e funcionalmente dominadas por táxons adaptados à rápida mineralização de carbono (HAN et al., 2022; BYERS et al., 2025; ROMDHANE et al., 2022; CHEN et al., 2024). Embora o aumento da mineralização de carbono nesses ambientes esteja relacionado à maior oferta de substratos, práticas agrícolas intensivas impactam a estabilidade e a conectividade das redes microbianas associadas ao ciclo do carbono, com implicações importantes para a resiliência e funcionalidade dos solos tropicais (BYERS et al., 2025).

Do ponto de vista aplicado, enzimas extracelulares de Mucoromycota já vêm sendo exploradas na liberação de nutrientes em formulações biofertilizantes (XU & CUI, 2024). O avanço das técnicas ômicas e da edição genômica deverá acelerar a prospecção de linhagens com alto desempenho biotecnológico, como discutido nas recentes revisões sobre ferramentas multiômicas aplicadas à micologia (WIJAYAWARDENE et al., 2023).

Limitações metodológicas do presente estudo incluem o viés inherente aos métodos de cultivo, que subestimam fungos de crescimento lento ou estreitamente simbióticos. A aplicação de abordagens de metabarcoding com marcadores filogenéticos atualizados para fungos zigospóricos (SPATAFORA et al., 2021) poderá revelar novos clados ainda não detectados, além de ampliar a comparabilidade entre estudos regionais.

Em síntese, a diversidade e funcionalidade de Mucoromyceta e Mortierellomycota respondeu sensivelmente aos gradientes de umidade e à pressão antrópica, evidenciando seu papel estratégico na ciclagem de nutrientes em ecossistemas tropicais sob manejo contrastante. Estes resultados ampliam o conhecimento sobre a micobiota basal e reforçam a importância de práticas de manejo sustentável que preservem a vegetação e a funcionalidade microbiana do solo, assegurando a manutenção dos serviços ecossistêmicos.

## 4. CONCLUSÃO

O presente estudo demonstrou que fungos do sub-reino Mucromyceta constituem um componente importante da microbiota de solos tropicais do Nordeste brasileiro, com riqueza taxonômica mais elevada nos brejos de altitude em comparação à Caatinga. As variáveis pH, umidade e Mg<sup>2+</sup> se apresentam como os principais determinantes da estrutura das comunidades, explicando mais de 40 % da variabilidade observada nesse estudo. A maior atividade das enzimas fosfatase ácida, β-glucosidase e urease nos brejos indicaram maior potencial de ciclagem de nutrientes, especialmente fósforo, carbono e nitrogênio. Em conjunto, os resultados reforçam o valor de Mucromyceta como bioindicadores de qualidade do solo e como fonte potenciais de recursos biotecnológicos para sistemas agrícolas sustentáveis. Recomenda-se que políticas de conservação priorizem a proteção dos brejos de altitude e considerem práticas de manejo que mantenham a diversidade fúngica nos agroecossistemas da Caatinga.

## 5. REFERÊNCIAS

- ALBORNOZ, F. et al. Agricultural land-use favours Mucoromycotinian, but not Glomeromycotinian, arbuscular mycorrhizal fungi across ten biomes. *The New phytologist*, 2021. <https://doi.org/10.1111/nph.17780>.
- ARAÚJO, F. et al. Altitudinal gradient drives regional and local diversity and composition patterns of epiphyllous bryophytes in ecological refuges. *Plant biology*, 2021. <https://doi.org/10.1111/plb.13365>.
- BALDRIAN, P. et al. Fungal communities in soils under global change. *Studies in Mycology*, 103, 1–24, 2022. <https://doi.org/10.3114/sim.2022.103.01>.
- BARBOSA, F. R. et al. Diversidade de fungos foliares associados a um brejo de altitude em Pernambuco. *Revista Brasileira de Biociências*, v. 20, n. 2, p. 45–54, 2022.
- BARTLETT, R. J.; ROSS, D. S. Colorimetric determination of oxidizable carbon in acid soil solutions. *Soil Science Society of America Journal*, v. 52, p. 1191–1192, 1988.
- BONFANTE, P.; DESIRÒ, A. Who lives in a fungus? Insights into fungal evolution and symbiosis. *Fungal Biology Reviews*, v. 33, n. 3-4, p. 138–145, 2019. DOI: 10.1016/j.fbr.2019.11.001.
- BRAGA, J. M.; DEFELIPO, B. V. Determinação espectrofotométrica de fósforo em extratos de solo e material vegetal. *Revista Ceres*, Viçosa, MG, v. 21, p. 73–85, 1974.
- BYERS, J. S. et al. Alterations in land-use change disrupt the complexity and stability of microbial carbon cycle gene networks in an agricultural landscape. *Microbial Ecology*, 2025. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00248-024-02487-9>. Acesso em: 6 jun. 2025.
- CALAÇA, F. C. et al. Fungos coprófilos em ambientes semiáridos da Caatinga. *Acta Botanica Brasilica*, v. 37, n. 1, p. 15–24, 2023.

CLOCCHIATTI, A. et al. The hidden potential of saprotrophic fungi in arable soil: Patterns of short-term stimulation by organic amendments. *Applied Soil Ecology*, 147, 103434, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.103434>.

CHEN, Z. et al. Responses of microbial community networks to photovoltaic panel installation in desert ecosystems. *Frontiers in Microbiology*, v. 15, 2024. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2024.1494681/pdf>. Acesso em: 6 jun. 2025.

CHENG, Y. et al. Mucromycotina fine root endophytes modulate nutrient cycling in grassland soils. *Soil Biology & Biochemistry*, v. 161, 2021. DOI: 10.1016/j.soilbio.2021.108370.

CLOCCHIATTI, A. et al. Changes in soil fungal communities along a gradient of soil fertility. *FEMS Microbiology Ecology*, v. 96, n. 4, p. fiaa046, 2020. DOI: 10.1093/femsec/fiaa046.

de SOUZA, F. C. A.; Xavier, Lima. D.; da Costa, P. D.; et al. *Mucor septatiphorus* nom. nov. e outras espécies de *Mucor* registradas na floresta de terras altas brasileira. *Mycotaxon*, V137 (3), 495-520(26), 2022.

EIVAZI, F.; TABATABAI, M. A. Glucosidases and galactosidases in soils. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 20, n. 5, p. 601–606, 1988.

HAN, L. L. et al. Sugarcane expansion reduces fungal network complexity and stability in subtropical soils. *Frontiers in Microbiology*, v. 13, 2022. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9716627/>. Acesso em: 6 jun. 2025.

LI, X. et al. Precipitation regulates fungal diversity and functional guilds in tropical forest soils. *Soil Biology & Biochemistry*, v. 170, 2022. DOI: 10.1016/j.soilbio.2022.108682.

MENDONÇA, E. S.; MATOS, E. S. *Matéria orgânica do solo: métodos de análises*. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 107 p.

MENG, Y. et al. Phosphorus acquisition efficiency mediated by Mucromycotina fine root endophytes under nutrient limitation. *Mycorrhiza*, v. 34, n. 1, p. 15–26, 2024. DOI: 10.1007/s00572-024-01138-9.

OZIMEK, E.; HANAKA, A. *Mortierella* species as the plant growth-promoting fungi present in the agricultural soils. *Agriculture*, v. 11, n. 1, p. 7, 2021. DOI: 10.3390/agriculture11010007.

ROMDHANE, S. et al. Impact of land-use intensification on the soil microbiome network complexity across a tropical agricultural gradient. *Environmental Microbiome*, v. 17, n. 1, p. 1–14, 2022. DOI: 10.1186/s40793-021-00396-9.

SPATAFORA, J. W. et al. The evolutionary transition of fungi to land. *Current Biology*, v. 31, n. 6, p. R309-R318, 2021. DOI: 10.1016/j.cub.2021.01.074.

SPATAFORA, J. W. et al. Fungal diversification and the evolution of symbiosis. *Fungal Diversity*, v. 117, p. 1–32, 2023. DOI: 10.1007/s13225-023-00535-0.

SPENCER, B. Studies on sulphatases. 20. Enzymic cleavage of aryl hydrogen sulphates in the presence of  $\text{H}_2^{18}\text{O}$ . *Biochemical Journal*, v. 69, n. 1, p. 155–159, 1958.

TABATABAI, M. A.; BREMNER, J. M. Use of p-nitrophenyl phosphate for assay of soil phosphatase activity. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 1, n. 4, p. 301–307, 1969.

TATE, K. R.; ROSS, D. J.; FELTHAM, C. W. A direct extraction method to estimate soil microbial C: effects of experimental variables and some different calibration procedures. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 20, n. 3, p. 329–335, 1988.

TEDERSOO, L., et al. Regional-Scale In-Depth Analysis of Soil Fungal Diversity Reveals Strong pH and Plant Species Effects in Northern Europe. *Frontiers in Microbiology*, 11, 2020. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01953>.

TEIXEIRA, P. C.; DONAGEMMA, G. K.; FONTANA, A.; TEIXEIRA, W. G. (Eds.). *Manual de métodos de análise de solo*. 3. ed. rev. e ampl. Brasília, DF: Embrapa, 2017. 574 p.

VANCE, E. D.; BROOKES, P. C.; JENKINSON, D. S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 19, n. 6, p. 703–707, 1987.

WAGG, C. et al. Diversidade fúngica-bacteriana e complexidade do microbioma predizem o funcionamento do ecossistema. *Nature Communications*, 10, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-12798-y>.

WIJAYAWARDENE, N. N. et al. Multi-omics approaches for fungal systematics and ecology: new frontiers. *Fungal Diversity*, v. 113, p. 1–24, 2023. DOI: 10.1007/s13225-023-00510-9.

XU, Y.; CUI, Y. Advances in the application of Mucoromycota enzymes for sustainable agriculture. *Journal of Applied Microbiology*, v. 136, n. 3, p. 572–583, 2024. DOI: 10.1111/jam.15883.

ZHANG, Q. et al. Climate-driven changes in fungal community structure across tropical ecotones. *Global Change Biology*, v. 30, n. 1, p. e16498, 2024. DOI: 10.1111/gcb.16498.