

# How many fungi can you fit in a cave? Abundance and richness in a Brazilian Cerrado Cave

Pedro Oliveira (1), Thiago Carvalho (2), José Prazeres (3), Ana Antunes (4), Caroline Ferreira (5), Lorena Souza Miranda (6), Renata Santos Momoli (7) & Jadson Bezerra (8)

- (1) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. felix.pedro@discente.ufg.br  
 (2) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. thiagogoca@gmail.com  
 (3) Departamento de Micologia Prof. Chaves Batista, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE, Brasil. fredson.alves@ufpe.br  
 (4) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. anaangelo@discente.ufg.br  
 (5) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. caroline.ferreira@discente.ufg.br  
 (6) Pequi Espeleogrupo de Pesquisa e Extensão e Instituto de Estudos Socioambientais (IESA), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. lorena.geo.br@gmail.com  
 (7) Pequi Espeleogrupo de Pesquisa e Extensão e Instituto de Estudos Socioambientais (IESA), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. rsmomoli@ufg.br  
 (8) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. jadsonbezerra@ufg.br

## Resumo

Cavernas são locais propícios para abrigar uma diversidade “oculta” de microrganismos. Apesar do Cerrado abrigar 46,97% das cavernas conhecidas no Brasil, há poucos estudos sobre a diversidade de fungos com base em análises polifásicas. Este estudo teve como objetivo inventariar a riqueza e abundância de fungos do ar e do solo/sedimento da Caverna Lapa do Boqueirão, em Vila Propício, Goiás, e disponibilizar informações para inclusão em planos de manejo espeleológico. Fungos foram isolados de oito pontos da caverna e identificados por características morfológicas e sequenciamento de DNA. Foram obtidas 890 UFC e escolhidos 223 isolados representativos para sequenciamento de DNA. Foram identificadas 103 espécies (distribuídas em 39 gêneros). O gênero *Penicillium* apresentou maior abundância e riqueza (361 UFC e 26 espécies). A maior abundância foi em um ponto externo (221 UFC) e a maior riqueza (27 espécies) em um ponto interno. Dos 103 táxons identificados, 37 são possíveis novidades taxonômicas e 72 são inéditos no ambiente cavernícola. Os dados são essenciais para estimativas de diversidade fúngica e manejo de cavernas do Cerrado, pois contemplam 11% da riqueza de gêneros fúngicos em cavernas do Brasil e 16% do Cerrado.

## Abstract

Caves are favourable places for harbouring a ‘hidden’ diversity of microorganisms. Although the Cerrado is home to 46.97% of the known caves in Brazil, there are few studies on fungal diversity based on polyphasic analyses. The aim of this study was to inventory the richness and abundance of fungi in the air and soil/sediment of the Lapa do Boqueirão Cave in Vila Propício, Goiás, and to provide information for inclusion in speleological management plans. Fungi were isolated from eight points in the cave and identified by morphological characteristics and DNA sequencing. A total of 890 CFUs were obtained and 223 representative isolates were chosen for DNA sequencing. 103 species were identified. The genus *Penicillium* showed the greatest abundance and richness (361 CFU and 26 species). The greatest abundance was at an external point (221 CFU) and the greatest richness (27 species) at an internal point. Of the 103 taxa identified, 37 are possible taxonomic novelties and 72 are new to the cave environment. The data is essential for estimates of fungal diversity and management of caves in the Cerrado, as it covers 11% of the richness of fungal genera in caves in Brazil and 16% in the Cerrado.

## 1. Introdução

Cavernas são formações geológicas com características bem descritas (PALMER, 2007) e apresentam aspectos histórico-culturais que atraem muitos visitantes (GUIMARÃES, 2011). Contudo, o ambiente cavernícola tem recebido destaque da comunidade científica por abrigar uma diversidade “oculta”, marcada pela presença de espécies de microrganismos com potencial patogênico e/ou biotecnológico (JURADO et al., 2010; ZADA et al., 2022; FARDA et al., 2022) e pela complexa rede de relações ecológicas entre eles (MARTIN-POZAS et al., 2022; MA et al., 2024). Esse conjunto de características únicas é influenciado pelas condições limitantes ao desenvolvimento de muitos microrganismos (ex. alta umidade, escassez de matéria orgânica, ausência/rara presença de luz, entre outros), mas propícias para o desenvolvimento de organismos que estão inseridos

na dinâmica desse ecossistema (MARTIN-SANCHEZ et al., 2014; ZGONIK et al., 2021; MARTIN-POZAS et al., 2022).

Dentre os microrganismos presentes no ambiente cavernícola, os fungos apresentam papel de destaque (VANDERWOLF et al., 2013; ZHANG et al., 2021; ALVES et al., 2022). Por serem cosmopolitas (BAHRAM & NETHERWAY, 2021) e sobreviverem a ambientes extremos, os fungos apresentam uma diversidade de mecanismos de adaptação (COLEINE et al., 2022), sendo fundamentais na ciclagem de nutrientes (CARMICHAEL et al., 2015; HERSHEY & BARTON, 2018) e na interação com outros organismos presentes em cavernas (CARVALHO et al., 2022). Esses fatores têm influenciado o crescente estudo dos fungos presentes no ambiente cavernícola no Brasil (ex. ALVES et al., 2022; OLIVEIRA et al., 2024; LIMA

et al., 2024; PRAZERES et al., 2025).

O objetivo deste estudo foi inventariar a riqueza e a abundância de fungos cultiváveis presentes no ar e no solo/sedimento da caverna Lapa do Boqueirão, localizada no município de Vila Propício, em Goiás, com intuito de buscar por novidades taxonômicas e/ou relatos de espécies

inéditas no ambiente cavernícola, preservação ex situ de isolados fúngicos e o fornecimento de informações micológicas para inclusão em plano de manejo espeleológico de caverna com potencial turístico no Cerrado, visando a conservação desses ambientes.

## 2. Materiais e Métodos

Para a coleta de fungos presentes no ar e no solo/sedimento, foi realizada uma expedição científica na caverna Lapa do Boqueirão, localizada no município de Vila Propício-GO, estado de Goiás, na Região Centro-Oeste do Brasil (Lat. 15°24'34"S e Long. 48°43'57"W) (Fig. 1). Para mensurar a abundância e a riqueza fúngica ao longo da caverna, foram

determinados oito pontos de coleta, sendo os pontos 1 (P1) e 8 (P8) externos. Detalhes da caverna, pontos de amostragem, metodologia para coleta de amostras, processamento para isolamento de fungos e autorização para o estudo estão descritos em OLIVEIRA et al. (2024).

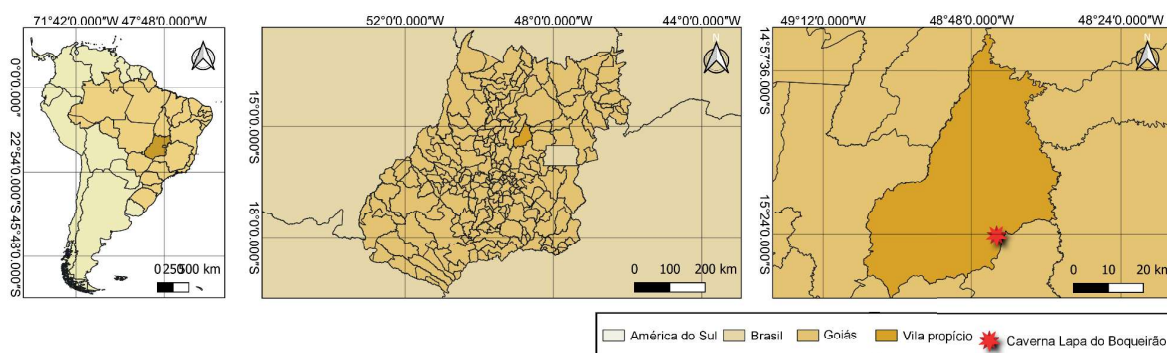


Figura 1: Localização geográfica da Caverna Lapa do Boqueirão, Cerrado goiano, Vila Propício, Goiás, Brasil (Adaptado de Oliveira et al., 2024).

Foram analisadas as estruturas macro e micromorfológicas dos fungos após o cultivo em Batata Dextrose Ágar (BDA) acrescido de clo-ranfenicol (100 mg.L<sup>-1</sup>) e placas incubadas a 25°C por 7 dias no escuro. A identificação dos isolados representativos de cada gênero foi realizada utilizando metodologia e literaturas especializadas. As estruturas micromorfológicas dos fungos (ex. conidióforos, hifas, conídios, esporos, etc.) foram analisadas preparando-se lâminas com ácido lático 85% e/ou corante azul de lactofenol. Fragmentos das colônias fúngicas foram retirados e preservados em água com glicerol (10%) na coleção de trabalho FCCUGF do Laboratório de Micologia do IPTSP-UFG.

A identificação molecular foi realizada a partir da extração do DNA genômico dos isolados cultivados em BDA e utilizando o Kit Wizard® Genomic DNA Purification (Promega Corporation, Madison, WI, EUA), seguindo o protocolo do fabricante. Os primers ACT-512F/ACT-783R (CARBONE & KOHN, 1999), CMD5/CMD6 (HONG et al., 2006), GDF1/GDR1 (GUERBER et al., 2003), ITS4/ITS5 (WHITE; BRUNS; TAYLOR, 1990), LR0R/LR5 (VILGALYS & HESTER, 1990), rpb2-5F2/frpb2-7cR (LIU et al., 1999), EF-728F/EF-986R (CARBONE & KOHN, 1999) e Bt2a/Bt2b (GLASS & DONALDSON, 1995) foram utilizados para amplificar parte dos genes actina (*actA*) de 24 isolados, calmodulina (*cmdA*) de 5 isolados, gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase (*GAPDH*) de 1 isolado, região ITS do

rDNA de 109 isolados, subunidade grande do rDNA (*LSU*) de 3 isolados, segunda maior subunidade da RNA polimerase II (*rpb2*) de 9 isolados, fator 1-alfa de alongamento de tradução (*tef1*) de 6 isolados e  $\beta$ -tubulina (*tub2*) de 66 isolados, respectivamente. Reações de PCR, purificação e sequenciamento foram realizadas conforme descrito por BEZERRA et al. (2017). As sequências obtidas foram editadas utilizando o MEGA v.11 (TAMURA et al., 2021) e submetidas ao *GenBank* do *NCBI* utilizando a ferramenta *BLASTn* a fim de buscar sequências relacionadas.

Para mensurar a riqueza e abundância de espécies na caverna Lapa do Boqueirão, o número de unidades formadoras de colônias (UFC) foi considerado a abundância e o número de táxons foi considerado a riqueza. Os dados sobre a riqueza e abundância de espécies foram observados para os oito pontos de coleta e a origem (ar e solo/sedimento) do isolamento dos fungos.

Foi realizada a busca por relatos da distribuição fúngica em cavernas para verificar a presença de espécies fúngicas inéditas no ambiente cavernícola baseando-se em literaturas especializadas (ex. VANDERWOLF et al., 2013; ZHANG et al., 2021; ALVES et al., 2022) e buscas nas plataformas virtuais (ex. PUBMED, Google Acadêmico, Periódico CAPES, SciELO, Scopus e Web of Science).

## 3. Resultados

No total, foram obtidas 890 UFC (ar = 590 e solo/sedimento = 300), das quais foram selecionados 185 isolados do ar e 153 isolados do solo/sedimento. A partir desses isolados, fungos representativos foram estudados com base no sequenciamento do DNA (223 isolados) e preservados na coleção de trabalho FCCUGF do Laboratório de Micologia do IPTSP-UFG. Os isolados foram identificados em 103 espécies (sendo 46 isoladas exclusivamente do ar, 42 exclusivamente do solo/sedimento e 15 isoladas de ambos) (Fig. 2), com base em análise polifásica (morfológica e de sequências de DNA).

O filo Ascomycota foi o que apresentou maior número de táxons, com 92 (89%) representantes. Os fillos Basidiomycota, Mucoromycota e Mortierellomycota tiveram, respectivamente, 3, 5 e 3 táxons.

Em Ascomycota (32 gêneros), o gênero *Penicillium* foi o que apresentou maior número de táxons (26), seguido por *Cladosporium* (11), *Trichoderma* (10), *Aspergillus* (6) e *Fusarium* (4) (Fig. 2). Além disso, em Ascomycota, 27 outros gêneros foram representados por pelo menos uma ou duas espécies. O filo Basidiomycota apresentou 3 gêneros (*Hannaella*, *Naganishia* e *Rhodotorula*) (Fig. 2), sendo cada um deles representado

por apenas uma espécie. Em Mucoromycota (2 gêneros), o gênero *Absidia* teve a maior ocorrência de espécies (4), seguido por *Mucor* (com 1 táxon). Mortierellomycota foi representado por 2 gêneros, sendo *Linnemannia* (2) e *Mortierella* (com 1 táxon) (Fig. 2). Quanto à abundância, o gênero *Penicillium* foi o mais abundante (361 UFC), seguido por *Cladosporium* (154), *Mortierella* (48) e *Rhodotorula* (32) (Fig. 2).

Com relação aos pontos de coleta, o ponto 1 (P1, externo) foi o que apresentou maior abundância, enquanto o ponto de coleta 6 (P6) foi o que apresentou menor abundância (Fig. 3). A maior riqueza de espécies

foi relatada no ponto de coleta 2 (P2) com a presença de 27 espécies, enquanto a menor riqueza foi encontrada nos pontos de coleta 5 (P5) e 6 (P6), ambos com 16 espécies (Fig. 3).

Dos 103 táxons identificados, 72 (70%) foram relatadas pela primeira vez em cavernas, com destaque para os gêneros *Penicillium* (22 táxons), *Trichoderma* (7), *Cladosporium* (6), *Aspergillus* (3), *Absidia* (3). Além disso, 37 (35,9%) foram consideradas como possíveis novidades taxonômicas, destacando os gêneros *Penicillium* (18 novas espécies), *Cladosporium* (5), *Trichoderma* (3), *Aspergillus* (2) e *Debaryomyces* (2).

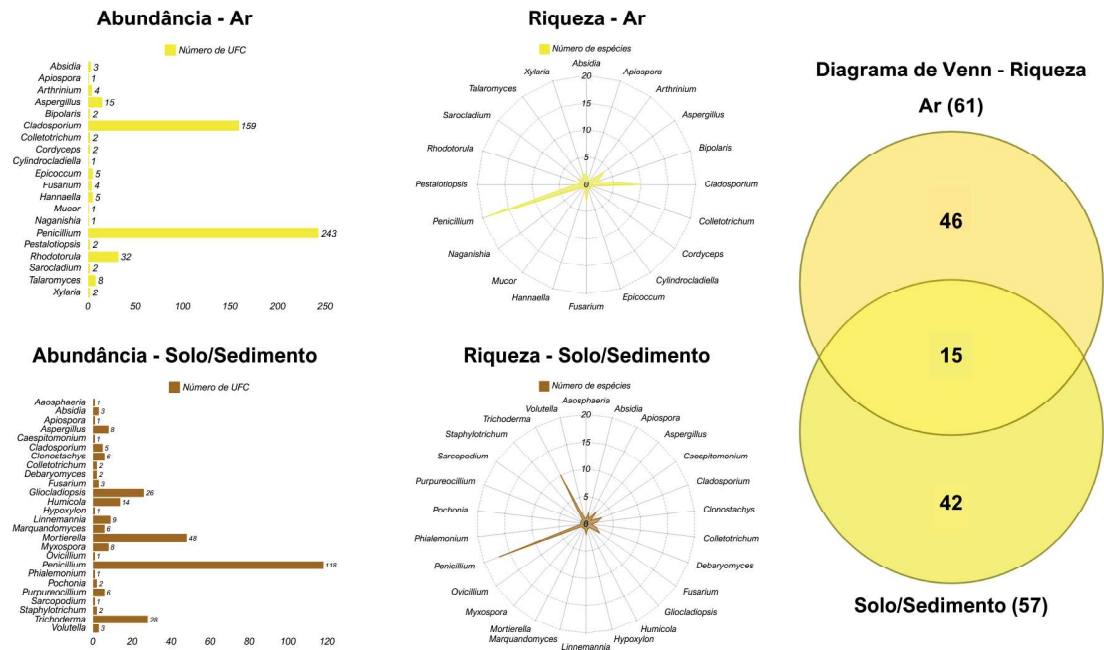


Figura 2: Abundância (número de UFC) e Riqueza (número de espécies) de fungos isolados do ar e do solo/sedimento da caverna Lapa do Boqueirão (por gênero), Cerrado goiano, Vila Propício, Goiás, Brasil. Diagrama de Venn da riqueza de espécies isoladas do ar e do solo/sedimento.

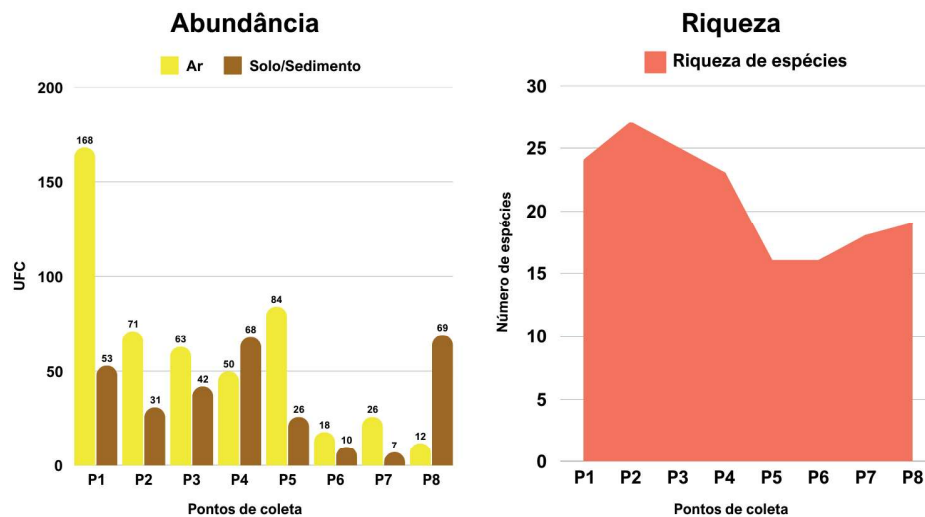


Figura 3: Riqueza e abundância (UFC) de espécies isoladas do ar e do solo/sedimento da Caverna Lapa do Boqueirão, Cerrado goiano, Vila Propício, Goiás, Brasil. Abundância de espécies está indicada para Ar e Solo/Sedimento e ponto de coleta (1-8, sendo os pontos 1 e 8 externos). Riqueza de espécies está indicada por ponto de coleta.

## 4. Discussão

Neste estudo foram identificados 103 táxons distribuídos em 39 gêneros fúngicos, sendo um resultado elevado quando comparado com estudos envolvendo metodologia dependente de cultivo no Brasil, como, por exemplo, CUNHA et al. (2020) com 59 táxons distribuídos em 37 gêneros e ALVES et al. (2022) com 41 táxons em 19 gêneros (em cavernas da Caatinga), e TAYLOR et al. (2013) com 47 táxons e 16 gêneros (em caverna do Cerrado). Além disso, a caverna estudada abriga 11% da riqueza de gêneros relatada em cavernas no Brasil e 16% no Cerrado (PRAZERES et al., 2025).

Dentre os filos relatados (*Ascomycota*, *Basidiomycota*, *Mortierellomycota* e *Mucormycota*), o filo *Ascomycota* foi o mais abundante (89%). Resultados semelhantes têm sido apresentados em todo mundo (VANDERWOLF et al., 2013), pois os representantes de *Ascomycota* apresentam mecanismos que favorecem o desenvolvimento em ambientes com limitação de nutrientes (ex. capacidade de degradação rochosa e solubilização de minerais), como é o caso das cavernas (STERFLINGER, 2000).

O gênero *Penicillium* foi o mais presente, diferente do que foi relatado em estudos em cavernas da Caatinga, onde o gênero *Aspergillus* foi o mais observado (ALVES et al., 2022; CUNHA et al., 2020), mas corroborando com outros estudos em cavernas do Cerrado, onde o gênero *Penicillium* foi o mais observado (TAYLOR et al., 2013; PAULA et al., 2016). Os gêneros *Cladosporium*, *Trichoderma*, *Aspergillus* e *Fusarium* apresentaram elevado número de táxons conforme estudos em outros países (VANDERWOLF et al., 2013), inclusive no Brasil (ALVES et al., 2022; PRAZERES et al., 2025).

Com relação aos pontos de coleta, o ponto 1 (P1, externo) foi o que apresentou maior abundância (UFC), enquanto o ponto de coleta 6 (P6) foi o que apresentou menor abundância (UFC). Esses resultados condizem com o relatado por TAYLOR et al. (2013), onde o ponto com a maior abundância estava localizado próximo da parte externa da caverna. Por outro lado, diferiu do que foi relatado em uma *bat cave*

da Caatinga (CUNHA et al., 2020), a qual o ponto mais abundante foi o do interior da caverna; os autores atribuíram este fato ao intenso fluxo de morcegos no local.

A maior riqueza de espécies foi relatada no ponto de coleta 2 (P2), com 27 espécies; enquanto a menor riqueza foi encontrada nos pontos de coleta 5 (P5) e 6 (P6), ambos com 16 espécies. Esse resultado corrobora com TAYLOR et al. (2013) e ALVES et al. (2022) demonstraram a maior riqueza de espécies associada à proximidade com o ambiente externo à caverna. Esses resultados podem estar relacionados com a maior disponibilidade de matéria orgânica característica dos pontos próximos ao ambiente externo à caverna, além de ser favorecido pelas correntes de ar, uma vez que a origem dos fungos de caverna está associada ao ambiente externo (ZHANG et al., 2018).

Na caverna Lapa do Boqueirão foi possível observar uma riqueza e abundância fúngica em pontos próximos à parte externa da caverna, isso indica uma maior disponibilidade de matéria orgânica e maior influência das correntes de ar, o que pode ser comprovado pela presença das mesmas espécies isoladas do ar e do solo/sedimento. Outro fator importante é o fato de ser uma caverna que é atração turística na região, semelhante ao que também foi alertado por TAYLOR et al. (2013), quando estudaram uma caverna com visitação turística e discutiram sobre o impacto da introdução de microrganismos ou da matéria orgânica no desenvolvimento de colônias de fungos. A caverna Lapa do Boqueirão possui alta riqueza de fungos cavernícolas, contando com 37 (35,9%) possíveis novidades taxonômicas e 72 (70%) relatos inéditos em cavernas, além de abrigar 11% dos gêneros descritos relatados em cavernas do país e 16% do Cerrado. Isso demonstra a importância de estudos espeleomicológicos no bioma Cerrado, a fim de fornecer dados para manejo espeleológico com intuito de promover a conservação desse rico ecossistema.

## 5. Conclusão

Os resultados obtidos permitem confirmar a importância de investigar a riqueza e abundância de fungos do ar e do solo/sedimento da caverna Lapa do Boqueirão, uma vez que foram observadas elevadas abundância (890 UFC, sendo 590 isoladas do ar e 300 do solo/sedimento) e riqueza (103 espécies pertencentes a 39 gêneros), incluindo a presença de 37 (35,9%) possíveis novidades taxonômicas que serão descritas posteriormente e 72 (70%) novas ocorrências em cavernas. Desse modo, o resultado demonstra a importância do estudo para o conhecimento e compreensão da microbiota do ambiente cavernícola no Cerrado. Além disso, os resultados obtidos contribuem para a investigação da condição

microbiológica de cavernas com potencial turístico, principalmente com a disponibilização de dados para inclusão em planos de manejo espeleológico, identificando riscos potenciais à saúde dos visitantes.

A identificação dos isolados com base em dados morfológicos e moleculares e a implementação de uma coleção de fungos do Cerrado contribuem para futuras investigações de potencial biotecnológico e para as estimativas nacional e global de fungos. Portanto, seriam os fungos importantes para a indicação de cavernas com alta importância espeleológica?

## Agradecimentos

Agradecemos ao CNPq e à FAPEG pelo apoio financeiro, ao Laboratório de Micologia da Universidade Federal de Goiás (Labmicol/UFG) pelo suporte técnico e infraestrutura, e ao Termo de Compromisso de Compensação Espeleológica (TCCE) 01/2018, 01/2022 e 01/2023, firmado entre o ICMBio e a Vale S.A., com gestão de recursos pelo Instituto

Brasileiro de Desenvolvimento e Sustentabilidade (IABS), pelo suporte essencial à realização deste estudo. Estendemos os agradecimentos ao guia Eldimar Aragão (o “Quaiada”) e ao Pequi Espeleogrupo de Pesquisa e Extensão pelo auxílio logístico durante nossa expedição.

## Referências

ALVES V. C. S., LIRA R. A., LIMA J. M. S., BARBOSA R. N., BENTO D. M., BARBIER E., BERNARD E., SOUZA-MOTTA C. M., BEZERRA J. D. P. (2022) Unravelling the fungal darkness in a tropical cave: richness and the description of one new genus and six new species. *Fungal Systematics and Evolution* 10(1):139–167.

BAHRAM M., NETHERWAY T. (2021) Fungi as mediators linking organisms and ecosystems. *FEMS Microbiology Reviews* 46(2).

BEZERRA J. D. P., SANDOVAL-DENIS M., PAIVA L. M., SILVA G. A., GROENEWALD J. Z., SOUZA-MOTTA C. M., CROUS P. W. (2017) New endophytic *Toxicocladosporium* species from cacti in Brazil, and description of

- Neocladosporium gen. nov. *IMA Fungus* 8(1):77–97.
- CARBONE I., KOHN L. M. (1999) A Method for Designing Primer Sets for Speciation Studies in Filamentous Ascomycetes. *Mycologia* 91(3):553.
- CARMICHAEL S. K., ZORN B. T., SANTELLI C. M., ROBLE L. A., CARMICHAEL M. J., BRÄUER S. L. (2015) Nutrient input influences fungal community composition and size and can stimulate manganese (II) oxidation in caves. *Environmental Microbiology Reports* 7(4):592–605.
- CARVALHO J. L. V. R., LIMA J. M. S., BARBIER E., BERNARD E., BEZERRA J. D. P., SOUZA-MOTTA C. M. (2022) Ticket to ride: fungi from bat ectoparasites in a tropical cave and the description of two new species. *Brazilian Journal of Microbiology* 53(4):2077–2091.
- COLEINE C., STAJICH J. E., SELBMANN L. (2022) Fungi are key players in extreme ecosystems. *Trends in Ecology & Evolution*.
- CUNHA A. O. B., BEZERRA J. D. P., OLIVEIRA T. G. L., BARBIER E., BERNARD E., MACHADO A. R., SOUZA-MOTTA C. M. (2020) Living in the dark: Bat caves as hotspots of fungal diversity. *PLOS ONE* 15(12):e0243494.
- FARDA B., DJEBAILI R., VACCARELLI I., DEL GALLO M., PELLEGRINI M. (2022) Actinomycetes from Caves: An Overview of Their Diversity, Biotechnological Properties, and Insights for Their Use in Soil Environments. *Microorganisms* 10(2):453.
- GLASS N. L., DONALDSON G. C. (1995) Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. *Applied and environmental microbiology* 61(4):1323–1330.
- GUERBER J. C., LIU B., CORRELL J. C., JOHNSTON P. R. (2003) Characterization of Diversity in *Colletotrichum acutatum* sensu lato by Sequence Analysis of Two Gene Introns, mtDNA and Intron RFLPs, and Mating Compatibility. *Mycologia* 95(5):872–872.
- GUIMARÃES R. L., TRAVASSOS L. E. P., GÓIS A. J., VARELLA I. D. (2011) Cavernas e Religião: Os rituais de matriz Africana na Gruta da Macumba e na Gruta do Feitiço, Lagoa Santa, Minas Gerais. *Ra'Ega* 23:263–288.
- HERSHEY O. S., BARTON H. A. (2018) The Microbial Diversity of Caves. *Cave Ecology* 69–90.
- HONG S., CHO H., SHIN H., FRISVAD J. C., SAMSON R. A. (2006) Novel *Neosartorya* species isolated from soil in Korea. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 56(2):477–486.
- JURADO V., LAIZ L., RODRIGUEZ-NAVA V., BOIRON P., HERMOSIN B., SANCHEZ-MORAL S., SAIZ-JIMENEZ C. (2010) Patogenic and opportunistic microorganisms in caves. *International Journal of Speleology* 39:15–24.
- LIMA J. M. S., BARBOSA R. N., BENTO D. M., BARBIER E., BERNARD E., BEZERRA J. D. P., SOUZA-MOTTA C. M. (2024) *Aspergillus*, *Penicillium*, and *Talaromyces* (Eurotiales) in Brazilian caves, with the description of four new species. *Fungal systematics and evolution*.
- LIU Y. J., WHELEN S., HALL B. D. (1999) Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Molecular Biology and Evolution* 16(12):1799–1808.
- MA L., HUANG X., WANG H., YUN Y., CHENG X., LIU D., LU X., QIU X. (2021) Microbial Interactions Drive Distinct Taxonomic and Potential Metabolic Responses to Habitats in Karst Cave Ecosystem. *Microbiology spectrum* 9(2).
- MARTIN-POZAS T., NOVÁKOVÁ A., JURADO V., FERNANDEZ-CORTES A., CUEZVA S., SAIZ-JIMENEZ C., SANCHEZ-MORAL S. (2022) Diversity of Microfungi in a High Radon Cave Ecosystem. *Frontiers in Microbiology* 13.
- MARTIN-SANCHEZ P. M., JURADO V., PORCA E., BASTIAN F., LACANETTE D., ALABOUVETTE C., SAIZ-JIMENEZ C. (2014) Airborne microorganisms in Lascaux Cave (France). *International Journal of Speleology*.
- OLIVEIRA P. H. F., FRANCO R. F. F., NOGUEIRA P. T. S., MOMOLI R. S., MOTTA C. M. S., BEZERRA J. D. P. (2024) Mapa do Tesouro: Riqueza de espécies de *Penicillium* na Caverna Lapa do Boqueirão do Cerrado goiano. *Revista Brasileira de Espeleologia (RBEsp)* 1(13): 339–369.
- PALMER, A. N. (2007) *Cave Geology*. Cave Books.
- PAULA C. C. P., MONTOYA Q. V., RODRIGUES A., BICHUETTE M. E., SELEGHIM M. R. H. (2016) Terrestrial filamentous fungi from Gruta do Catão (São Desidério, Bahia, Northeastern Brazil) show high levels of cellulose degradation. *Journal of Cave and Karst Studies v.* 78(3):208–217.
- PRAZERES, J. F. S. A., BERNARD, E., SOUZA-MOTTA, C. M., BENTO, D. DE M., SILVA-JÚNIOR, E. N. M., BARBIER, E., FONSECA, E. O., LIMA, J. M. S., CARVALHO, J. L. V. R., MIRANDA, L. S., PEREIRA, O. L., BARBOSA, R. DO N., MOMOLI, R. S., CONDÉ, T. O., SILVA, T. C., VICENTE, V. A., ALVES, V. C. S., OLIVEIRA, P. H. F., BEZERRA, J. D. P. (2025). Current knowledge on the cave fungi in Brazilian biomes. *Fungal Biology Reviews* 51(51):100412.
- TAMURA K., STECHER G., KUMAR S. (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution* 38(7):3022–3027.
- TAYLOR E. L. S., STOIANOFF M. A. R., FERREIRA, R. L. (2013) Mycological study for a management plan of a neotropical show cave (Brazil). *International Journal of Speleology* 42(3):267–277.
- VANDERWOLF K., MALLOCH D., MCALPINE D., FORBES G. (2013) A world review of fungi, yeasts, and slime molds in caves. *International Journal of Speleology* 42(1):77–96.
- VILGALYS R., HESTER M. (1990) Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology* 172(8):4238–4246.
- WHITE TJ, BRUNS T, TAYLOR J. (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *Academic Press* 38:315–322.
- ZADA S., SAJJAD W., RAFIQ M., ALI S., HU Z., WANG H., CAI R. (2022) Cave Microbes as a Potential Source of Drugs Development in the Modern Era. *Microbial Ecology* 84:676–687.
- ZGONIK V., MULEC J., ELERŠEK T., OGRINC N., JAMNIK P., ULRIH N. P. (2021) Extremophilic Microorganisms in Central Europe. *Microorganisms* 9(11):2326.
- ZHANG Z. F., ZHAO P., CAI L. (2018) Origin of Cave Fungi. *Frontiers in Microbiology* 9.
- ZHANG Z. F., ZHOU S. Y., EURWILAICHITR L., INGSRISWANG S., RAZA M., CHEN Q., ZHAO P., LIU F., CAI L. (2021) Culturable mycobiota from Karst caves in China II, with descriptions of 33 new species. *Fungal Diversity* 106(1):29–136.