

Survey of fungi from the air and sediment of the Lapa da Cachoeira do Funil Cave in Mambaí, Goiás, Brazil: Preliminary data

Emily Fonseca (1), Caroline Lima (2), José Prazeres (3), Pedro Oliveira (4), Lorena Miranda (5), Renata Momoli (6), Cristina Souza-Motta (7) & Jadson Bezerra (8)

- (1) Programa de Pós Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia, Universidade Federal de Pernambuco, emily.fonseca@ufpe.br
(2) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, caroline.ferreira@discente.ufg.br
(3) Programa de Pós Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia, Universidade Federal de Pernambuco, fredson.alves@ufpe.br
(4) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, felix.pedro@discente.ufg.br
(5) Pequi Espeleogrupo de Pesquisa e Extensão e Instituto de Estudos Socioambientais, Universidade Federal de Goiás, lorena.geo.br@gmail.com
(6) Pequi Espeleogrupo de Pesquisa e Extensão e Instituto de Estudos Socioambientais, Universidade Federal de Goiás, rsmomoli@ufg.br
(7) Programa de Pós Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia, Universidade Federal de Pernambuco, cristina.motta@ufpe.br
(8) Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública, Universidade Federal de Goiás, jadsonbezerra@ufg.br

Resumo

Este estudo teve como objetivo investigar a diversidade de fungos presentes no ar e no sedimento/solo da caverna Lapa da Cachoeira do Funil, localizada na Área de Proteção Ambiental (APA) das Nascentes do Rio Vermelho, no Cerrado. Foram obtidos 150 isolados pertencentes a 43 gêneros, com variações na abundância relacionadas a fatores ambientais. Gêneros de importância médica, agrícola e biotecnológica, como *Aspergillus*, *Fusarium*, *Trichoderma* e *Penicillium*, foram identificados. Os resultados ressaltam a relevância dos inventários fúngicos para a conservação da biodiversidade cavernícola e para a compreensão do papel ecológico desses microrganismos em ambientes subterrâneos.

Abstract

This study aimed to investigate the diversity of fungi present in the air and sediment/soil of the Lapa da Cachoeira do Funil cave, located in the Environmental Protection Area (APA) of the Nascentes do Rio Vermelho, in the Cerrado. A total of 150 isolates belonging to 43 genera were obtained, with variations in abundance related to environmental factors. The medical, agricultural, and biotechnologically important genera, including *Aspergillus*, *Fusarium*, *Trichoderma*, and *Penicillium*, were identified. The results highlight the relevance of fungal inventories for cave biodiversity conservation and understanding these microorganisms' ecological role in protected subterranean environments.

1. Introdução

As cavernas são ambientes únicos e isolados que fornecem condições favoráveis ao desenvolvimento de comunidades de fungos que prosperam nesses ecossistemas oligotróficos, caracterizados por uma alta umidade, temperaturas estáveis e especialmente pela ausência de luz ZHANG et al. (2023); JIANG et al. (2017). A diversidade fúngica é fundamental para os ecossistemas das cavernas, pois os fungos atuam no parasitismo, na ciclagem de nutrientes e sendo fontes de recursos orgânicos para outros organismos VANDERWOLF et al. (2013); RAWAT et al. (2017); CUNHA et al. (2020); CARVALHO et al. (2022). Tais condições características do ambiente cavernícola estão vulneráveis aos impactos das mudanças climáticas e ameaçam a ecologia das cavernas, devido à baixa tolerância térmica de algumas espécies subterrâneas e à alteração das condições microclimáticas MAMMOLA et al. (2019); PALLARÉS et al. (2020).

Portanto, o impacto das mudanças climáticas pode ocasionar alterações metabólicas em muitas espécies, principalmente em táxons fúngicos, que podem se tornar novos patógenos, patógenos incomuns ou adaptados, e levantam preocupações quanto às consequências na saúde e diversidade CASADEVALL et al. (2019); NNADI & CARTER (2021). Além disso, atividades humanas como o turismo desregulado, a explora-

ção mineral, as práticas agrícolas e as construções indevidas ameaçam a conservação de ecossistemas subterrâneos, bem como as espécies que os habitam FERREIRA & MARTINS (2001); MAMMOLA et al. (2019).

O levantamento microbiológico de espécies, com ênfase em fungos, é fundamental para subsidiar a elaboração de plano de manejo espeleológico devido à alta diversidade de fungos nesses ambientes, incluindo espécies patogênicas e oportunistas, que podem impactar a saúde humana e a conservação ambiental, além de revelar potencial biotecnológico TAYLOR et al. (2013); ALVES et al. (2022); PRAZERES et al. (2025). O Cerrado, conhecido como Savana brasileira, é considerado um *hotspot* de biodiversidade. Além disso, apesar dos estudos de fungos cavernícolas no Brasil terem aumentado nos últimos anos com cerca de 30 cavernas estudadas, isso representa apenas 0,1% das cavernas existentes no País PRAZERES et al. (2025).

Na região do Cerrado, a Área de Proteção Ambiental (APA) das Nascentes do Rio Vermelho abriga mais de 150 cavernas documentadas, incentivando práticas de uso sustentável, ecoturismo e agroecologia. No entanto, essa área enfrenta significativa pressão antrópica ESBÉRARD et al. (2005). Assim, com o intuito de regular a ocupação humana, a APA foi instituída pelo decreto de 13 de setembro de 2001. No entanto,

essa medida não assegura a proteção total da região MIRANDA (2016). Como resultado, os impactos provocados por atividades humanas comprometem a estabilidade das comunidades biológicas, incluindo os fungos, e limitam o conhecimento e a descoberta de novas espécies.

A caverna Lapa do Funil abriga um dos mais impressionantes conjuntos naturais da região da APA Nascentes do Rio Vermelho (NRV). Nela, um grande volume de água que deságua em um vale cristalino que se forma ao seu final, criam um roteiro turístico singular atraindo cerca de 2 mil turistas anualmente para ecoturismo VIEIRA & VIEIRA (2009); Prefeitura MUNICIPAL DE MAMBAÍ (2023). (Fig.1). Considerando esses fatores, o levantamento da micodiversidade da caverna é essencial tanto para garantir a segurança dos turistas quanto para a conservação do ambiente natural.

Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi realizar um estudo preliminar para inventariar a diversidade de fungos isolados do ar e do sedimento/solo da Caverna turística Lapa da Cachoeira do Funil, por meio de análises morfológicas e moleculares, fornecendo dados iniciais para pesquisas e ações de manejo espeleológico.



Figura 1: Cachoeira do Funil em Mambaí, Goiás, Brasil (vista próxima ao 3^o ponto de coleta).

2. Materiais e Métodos

A Lapa da Cachoeira do Funil, localizada na Área de Proteção Ambiental (APA) das Nascentes do Rio Vermelho, em Goiás (UTM: 375.925 S / 8.399.403 E), encontra-se no Cerrado e é uma caverna com desenvolvimento de 350 metros, banhada pelo Rio Ventura LINHARES (2002). É uma das cavernas formadas pela unidade geomorfológica do Grupo Bambuí (que forma o maior grupo de eventos calcários favoráveis à existência de cavernas no território brasileiro), o qual corresponde cerca de 105.200 km², de acordo com AULER & FARRANT (1996); AULER et al. (2009).

Os fungos do ar foram isolados pelo método de sedimentação em placas de Petri de 90 mm de diâmetro, contendo 20 mL dos meios DRBC, BHI ou ASC, expostas a 1 m do solo por 20 minutos CUNHA et al. (2020). As placas foram incubadas no escuro a 28°C ± 2°C por até sete dias para contagem das unidades formadoras de colônias (UFC). As colônias foram purificadas e transferidas para tubos de preservação e microtubos para extração de DNA. Para o isolamento de fungos do sedimento/solo, amostras (10 g) foram coletadas, na camada superficial (0-5 cm), em triplicata e acondicionadas em recipientes estéreis. No laboratório, 1 g do sedimento/solo foi suspenso em 9 mL de água destilada estéril, agitado a 100 rpm por 20 minutos e submetido a diluições seriadas

até 10⁻⁴. Dessa diluição, 1 mL foi inoculado nos meios DRBC e ASC em placas de Petri, incubadas no escuro a 25 °C por até 14 dias. As colônias foram purificadas e transferidas para tubos contendo ASC ou outros meios específicos, como BDA. O número de UFC/g de sedimento/solo foi calculado pela média das réplicas CUNHA et al. (2020).

A identificação morfológica foi baseada na análise de estruturas macro e micromorfológicas, seguindo metodologias especializadas CROUS et al. (2009); SAMSON et al. (2010); SEIFERT et al. (2011). Para a identificação molecular, o DNA genômico foi extraído conforme o protocolo do Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega, USA). As regiões ITS e LSU foram amplificadas com os *primers* ITS1/ITS4 WHITE et al. (1990) e LR0R/LR5 VILGALYS & SUN (1994); VILGALYS & HESTER (1990). Outros lócus, como *tef1*, *RPB1*, *RPB2*, calmodulina, β-tubulina e actina, foram analisados conforme o gênero ou grupo taxonômico. As reações de amplificação, a purificação dos amplicons e as reações de sequenciamento foram realizadas seguindo o protocolo de BEZERRA et al. (2017). As sequências obtidas foram comparadas com as depositadas no *GenBank* do *NCBI* por meio da ferramenta BLASTn para a anotação da identificação (%) genérica.

3. Resultados

Os resultados do levantamento de fungos do ar e do sedimento/solo revelaram uma riqueza significativa de gêneros entre os diferentes pontos de coleta e substratos. No total, foram obtidos 149 isolados, sendo 44 do ar e 105 do sedimento/solo. A identificação dos isolados revelou a presença de 42 gêneros, dos quais alguns foram exclusivos para cada substrato, enquanto outros ocorreram em ambos.

A coleta de fungos anemófilos nos diferentes pontos da caverna

revelou uma variação no número de isolados. Foram obtidos 20 isolados no Ponto 1, localizado na entrada da caverna, em uma zona de transição entre a zona de iluminação direta e o início da zona de penumbra. No Ponto 2, situado no interior da caverna, local que não havia presença de luz, forneceu um número de isolados consideravelmente menor (3). O Ponto 3, um ambiente externo próximo à cachoeira, onde havia a presença direta de iluminação, foram obtidos 21 isolados. O sedimento/

solo apresentou maior variedade do número de isolados nos diferentes pontos. No Ponto 1, foram obtidos 64 isolados, número maior em comparação com o ar para o mesmo ponto. No Ponto 2 foram obtidos 12 isolados, (Fig. 2) e no Ponto 3, o número de isolados foi de 29.

A identificação dos fungos resultou em 18 gêneros para o ar, sendo eles: *Absidia*, *Allophoma*, *Apiospora*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Colletotrichum*, *Curvularia*, *Fusarium*, *Fusicollata*, *Meira*, *Myxospora*, *Neopestalotiopsis*, *Penicillium*, *Pseudopithomyces*, *Purpureocillium*, *Trichoderma*, *Walthergamsia* e *Zygosporium*. Na identificação dos fungos do sedimento/solo, foram obtidos 24 gêneros: *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Debaryomyces*, *Epicoccum*, *Eutypella*, *Fusarium*, *Hypocrea*, *Leptosphaeria*, *Marquandomyces*, *Microsphaeropsis*, *Mucor*, *Musidium*, *Penicillium*, *Phialemonium*, *Pleurostoma*, *Pochonia*, *Purpureocillium*, *Pyrenochaetopsis*, *Rhodotorula*, *Saturnispora*, *Talaromyces*, *Thyridium*, *Trichoderma* e *Walthergamsia*. Dentre os gêneros identificados, pode-se observar que sete foram comuns a ambos os substratos: *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Purpureocillium*, *Trichoderma* e *Walthergamsia*. A ocorrência

desses gêneros tanto no ar quanto no sedimento/solo sugere sua ampla adaptabilidade às diferentes condições ambientais da caverna. Por outro lado, 11 gêneros foram exclusivos ao ar, incluindo *Absidia*, *Allophoma*, *Apiospora*, *Colletotrichum*, *Curvularia*, *Fusicollata*, *Meira*, *Myxospora*, *Neopestalotiopsis*, *Pseudopithomyces* e *Zygosporium*, enquanto 17 foram exclusivos do sedimento/solo: *Debaryomyces*, *Epicoccum*, *Eutypella*, *Hypocrea*, *Leptosphaeria*, *Marquandomyces*, *Microsphaeropsis*, *Mucor*, *Musidium*, *Phialemonium*, *Pleurostoma*, *Pochonia*, *Pyrenochaetopsis*, *Rhodotorula*, *Saturnispora*, *Talaromyces* e *Thyridium*. (Fig. 3). Esses resultados destacam a complexidade da distribuição fúngica em ambientes cavernícolas, demonstrando a possível influência de fatores ambientais como luz, umidade e substrato na composição da micodiversidade local, bem como a movimentação de animais (pássaros) e a influência da atividade turística como um vetor ativo de propágulos fúngicos. Estudos adicionais podem aprofundar a compreensão sobre o papel ecológico desses fungos e suas interações com o ambiente cavernícola.

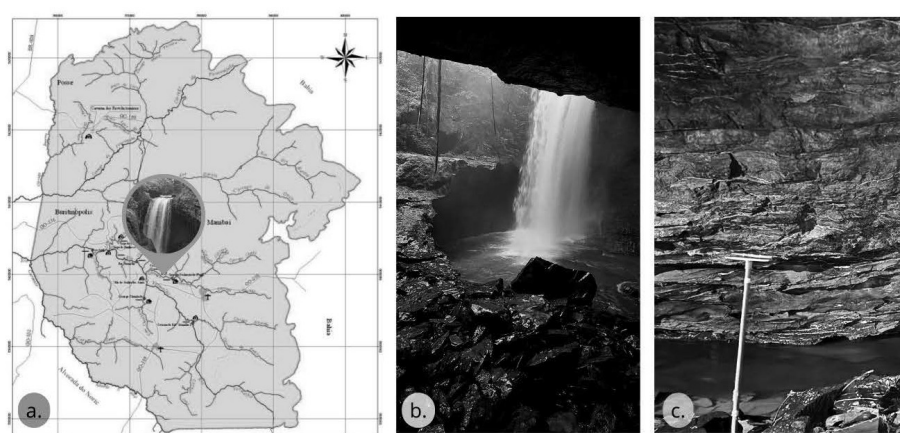


Figura 2: A. Mapa turístico da APA das Nascentes do Rio Vermelho, Fonte: Adaptado de SOCIEDADE BRASILEIRA DE ESPELEOLOGIA (2021); B. Vista interna da cachoeira; C. Ponto de coleta interno (2) com suporte para técnica de sedimentação em meio de cultura (fungos do ar).

4. Discussão

O levantamento de espécies fúngicas nesta caverna do Cerrado revelou uma comunidade diversificada, possivelmente influenciada pela umidade, luz e matéria orgânica. Gêneros como *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Penicillium* e *Trichoderma* foram encontrados para ambos os substratos estudados, indicando adaptabilidade às condições cavernícolas. Essa ampla distribuição se assemelha com estudos em outras cavernas, como PEREIRA et al. (2022), que destacaram a presença de *Cladosporium* como um gênero comum em cavernas brasileiras, incluindo a descrição de novas espécies. A exclusividade de certos gêneros em substratos específicos, como ar ou sedimento/solo, indica que diferentes nichos ecológicos favorecem grupos fúngicos distintos, um padrão também observado por LIMA et al. (2024). Vários gêneros identificados possuem relevância para saúde humana, agricultura e biotecnologia. Por exemplo, *Aspergillus* e *Fusarium* incluem espécies patogênicas para humanos imunocomprometidos e plantas cultivadas PATERSON & LIMA (2017), tais gêneros foram observados em cavernas da Caatinga CUNHA et al. (2020) e também em cavernas do Cerrado PRAZERES et al. (2025). Além dos aspectos patogênicos,

muitos gêneros apresentam potencial biotecnológico e agrícola, tais como *Trichoderma*, amplamente utilizado como agente de biocontrole contra patógenos TYŚKIEWICZ (2022); este gênero foi identificado em nosso estudo, reforçando seu papel ecológico em ambientes cavernícolas. Gêneros como *Talaromyces* e *Mucor*, que produzem enzimas de interesse industrial e farmacêutico ALVES et al. (2002); LI et al. (2017); LIMA et al. (2024), foram igualmente identificados no nosso estudo. Essa descoberta reforça a importância ecológica e o possível uso biotecnológico desses microrganismos em ambientes subterrâneos. Estudos recentes destacam a diversidade fúngica em cavernas brasileiras como essencial para a manutenção desses ecossistemas e descobertas taxonômicas CUNHA et al. (2020); ALVES et al. (2022); LIMA et al. (2024); PRAZERES et al. (2025). Os dados preliminares deste estudo demonstram a importância de fungos cavernícolas e reforçam o impacto deste grupo na manutenção do ambiente cavernícola. Além disso, a identificação de gêneros com potencial biotecnológico e ecológico demonstram que cavernas do Cerrado são hotspot da diversidade de fungos.

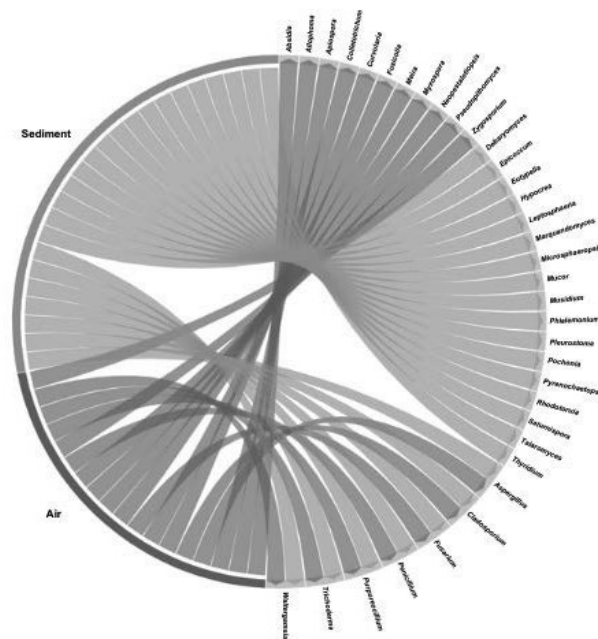


Figura 3: Gêneros fúngicos identificados do ar (em azul) e sedimento/solo (em laranja) na Caverna Lapa da Cachoeira do Funil, Mambá, Goiás, Brasil.

5. Conclusão

O presente estudo revelou uma riqueza de 42 gêneros de fungos na caverna Lapa da Cachoeira do Funil, demonstrando a possível influência de fatores ambientais na distribuição de fungos em diferentes pontos da caverna. A presença de gêneros de relevância médica, agrícola e biotecnológica evidencia a importância dos inventários fúngicos para o conhecimento da diversidade subterrânea e para o potencial aprovei-

tamento desses organismos. Além disso, a identificação de espécies do ambiente cavernícola reforça a necessidade de estratégias de conservação, especialmente diante da crescente exploração turística e das mudanças ambientais. Estudos futuros podem aprofundar a caracterização funcional dessas comunidades fúngicas e avaliar seu papel ecológico na manutenção dos ecossistemas subterrâneos.

Agradecimentos

Agradecemos CAPES e a FAPEG pelas bolsas de estudo e 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. Agradecemos também ao Pequi Espeleogrupo de Pesquisa e Extensão e à Equipe do ICMBio da APA das Nascentes do Rio Vermelho pelo apoio logístico e pelas orientações essenciais para a realização deste estudo.

Referências

- ALVES, Maria Helena et al. (2002) Screening of *Mucor* spp. for the production of amylase, lipase, polygalacturonase and protease. *Brazilian Journal of Microbiology*, v. 33, p. 325-330.
- ALVES V.C.S. et al. (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: 139–167.
- AULER, A.; FARRANT, A. R. (1996) A brief introduction to karst and caves in Brazil. *Proceedings of the University of Bristol Speleological Society*, v. 20, n. 3, p. 187-200.
- AULER, Augusto S. et al. (2009) Cyclic sedimentation in Brazilian caves: mechanisms and palaeoenvironmental significance. *Geomorphology*, v. 106, n. 1-2, p. 142-153.
- BEZERRA J.D.P. et al. (2017) Bezerromycetales and Wiesneriomycetales ord. nov. (class Dothideomycetes), with two novel genera to accommodate endophytic fungi from Brazilian cactus. *Mycological Progress* 16(4):297–309.
- 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* 53:2077–2091.
- CASADEVALL, Arturo; KONTOYIANNIS, Dimitrios P.; ROBERT, Vincent. (2019) On the emergence of *Candida auris*: climate change, azoles, swamps, and birds. *MBio*, v. 10, n. 4, p. 10.1128/mbio.01397-19.
- CROUS, P. W. et al. (2009) *CBS Laboratory Manual Series*. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands.
- CUNHA A.O.B. et al. (2020) Living in the dark: Bat caves as hotspots of fungal diversity. *PLoS ONE* 15(12): e0243494.

- ESBÉRARD, C. E., MOTTA, J. A., PERIGO, C. (2005) Morcegos cavernícolas da Área de Proteção Ambiental (APA) Nascentes do Rio Vermelho, Goiás. *Revista Brasileira de Zootecias* 7(2).
- FERREIRA, R.L.; MARTINS, R.P. (2001) Cavernas em risco de “extinção”. *Ciência Hoje*, v. 29, p. 20-28.
- GROENEWALD, J. Z., NAKASHIMA, C., NISHIKAWA, J., SHIN, H. D., PARK, J. H., JAMA, A. N., ... & CROUS, P. W. (2013) Species concepts in *Cercospora*: spotting the weeds among the roses. *Studies in Mycology* 75(1):115–170.
- JIANG, J., CAI, L., & LIU, F. (2017) Oligotrophic fungi from a carbonate cave, with three new species of *Cephalotrichum*. *Mycology*, v. 8, p. 164-177.
- LI, Cheng-Xi et al. (2017) Genome sequencing and analysis of *Talaromyces pinophilus* provide insights into biotechnological applications. *Scientific Reports*, v. 7, n. 1, p. 490.
- LIMA J.M.S. et al. (2024) *Aspergillus*, *Penicillium*, and *Talaromyces* (Eurotiales) in Brazilian caves, with the description of four new species. *Fungal Systematics and Evolution* 14:89–107.
- LINHARES, Júlio Cesár F. (2002) Mapas espeleotopográficos tridimensionais de 05 (cinco) cavernas previamente identificadas e trabalhadas no projeto Mambai-GO.
- MAMMOLA, S., PIANO, E., CARDOSO, P., VERNON, P., DOMÍNGUEZ-VILLAR, D., CULVER, D., PIPAN, T., & ISAIA, M. (2019) Climate change going deep: The effects of global climatic alterations on cave ecosystems. *The Anthropocene Review*, v. 6, p. 116-98.
- MIRANDA, S. A. M. (2016) Uso e ocupação do solo na APA das nascentes do Rio Vermelho: conflito socioambiental em Mambai-GO.
- NNADI, N. E.; CARTER, D. A. (2021) Climate change and the emergence of fungal pathogens. *PLoS Pathogens*, v. 17, p. e1009503.
- PALLARÉS, S., Colado, R., Botella-Cruz, M., Montes, A., Balart-García, P., Bilton, D., Millán, A., Ribera, I., & Sánchez-Fernández, D. (2020). Loss of heat acclimation capacity could leave subterranean specialists highly sensitive to climate change. *Animal Conservation*, 24.
- PATERSON, R. Russell M.; LIMA, Nelson. (2017) Filamentous fungal human pathogens from food emphasising *Aspergillus*, *Fusarium* and *Mucor*. *Microorganisms*, v. 5, n. 3, p. 44.
- PEREIRA, Mayara LS et al. (2022) Richness of *Cladosporium* in a tropical bat cave with the description of two new species. *Mycological Progress*, v. 21, n. 1, p. 345-357.
- PRAZERES J.F.S.A., BERNARD E., SOUZA-MOTTA C.M., BENTO D.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.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* 51:100412.
- PREFEITURA MUNICIPAL DE MAMBAÍ. (2025) Mambai chama a atenção pelas belezas naturais e turismo de aventura. Disponível em: <https://www.mambai.go.gov.br/noticia/54-mamba-chama-a-ateno-pelas-belezas-naturais-e-turismo-de-aventura>. Acesso em: 08 fev. 2025.
- RAWAT, S., RAUTELA, R., & JOHRI, B. (2017) Fungal World of Cave Ecosystem. In: *Microbial Resource Conservation*, p. 99-124.
- SAMSON, R. A., Houbraeken, J., Thrane, U., Frisvad, J. C., Andersen, B. (2010) Food and indoor fungi: CBS-KNAW fungal biodiversity centre. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, the Netherlands.
- SEIFERT, K. A. et al. (2011) The genera of Hyphomycetes. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre.
- TAYLOR, Erika Linzi Silva; RESENDE STOIANOFF, Maria Aparecida de; LOPES FERREIRA, Rodrigo. (2013) Mycological study for a management plan of a neotropical show cave (Brazil). *International Journal of Speleology*, v. 42, n. 3, p. 10.
- TYŚKIEWICZ, Renata et al. (2022) *Trichoderma*: The current status of its application in agriculture for the biocontrol of fungal phytopathogens and stimulation of plant growth. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 23, n. 4, p. 2329.
- WHITE, T. J.; BRUNS, T; TAYLOR, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M. A.; GELFAND, D. H.; SNINSKY, J. J.; WHITE, J. W. *A Guide to Molecular Methods and 76 Applications*. Academic Press, 1990. cap, 38, p. 315–322.
- VANDERWOLF KJ, MALLOCH D, McALPINE DF; FORBES GJ. A world review of fungi, yeasts, and slime molds in caves. *International Journal of Speleology*. 42 (1), p77-96, 2013.
- VIEIRA, Laíze Leite; VIEIRA, Lanny Markes Leite. (2009) Sugestão de inventário e SIG turísticos para o município de Mambai-GO. *Pesquisas em Turismo e Paisagens Cársticas*, Campinas: SeTur/SBE, ISSN 1983-473X, v. 2, n. 2, p. 101.
- 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.
- VILGALYS, R., SUN, B.-L. (1994) Ancient and recent patterns of geographic speciation in the oyster mushroom *Pleurotus* revealed by phylogenetic analysis of ribosomal DNA sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 91(10):4599–4603.
- ZHANG, Z., MAO, J., & CAI, L. (2023) Dispersal Limitation Controlling the Assembly of the Fungal Community in Karst Caves. *Journal of Fungi*, v. 9. <https://doi.org/10.3390/jof9101013>.