

## RETRATAÇÃO

A equipe editorial da revista Hoehnea comunica a publicação formal de Retratação para extração do artigo:

COUTINHO, Flávia Paiva & MAIA, Leonor Costa. Comunidades de fungos filamentosos em áreas costeiras de Mata Atlântica no Nordeste brasileiro. Hoehnea 2018; 45(3): 394-405. <http://dx.doi.org/10.1590/2236-8906-34/2018>

O artigo está sendo retratado porque a primeira Autora, Flávia Paiva Coutinho, submeteu o manuscrito sem a autorização da segunda Autora, Leonor Costa Maia que apenas soube da publicação após divulgação do artigo no site do SciELO Brasil. Além disso, a primeira Autora excluiu outras participantes que fizeram parte da pesquisa original e também auto-plagiou trechos de um outro artigo já publicado

Profa. Dra. Regina Maria de Moraes

Editora-Chefe

# Comunidades de fungos filamentosos em áreas costeiras de Mata Atlântica no Nordeste brasileiro

 [Flavia Paiva Coutinho](#)<sup>1, 2, 3</sup> e Leonor Costa Maia<sup>2</sup>

Recebido: 22.03.2018; aceito: 29.05.2018

**ABSTRACT** - (Communities of filamentous fungi in coastal areas of Atlantic Forest in northeastern Brazil). Revegetation programs for degraded mined areas aim to restore essential soil processes and assist in the recovery of the associated fungal communities. This study aimed to determine the community composition of filamentous fungi in natural and revegetated coastal areas of Atlantic Forests and provide information on the recuperation of soil mycobiota in recovering environments. Fifty-two filamentous fungi species were identified. The ANOSIM analysis indicated that the fungi communities differ between natural and revegetated areas ( $R_{\text{global}} = 0.186$ ;  $p < 0.0001$ ). *Penicillium citreonigrum* was found to be an indicator of natural areas, whereas no species could be assigned as indicator of the revegetated areas. Revegetated areas showed great species richness, demonstrating that revegetation contributed to the recovery and increased the fungi diversity. The results emphasize the importance of biodiversity inventories in coastal areas subjected to natural and anthropic pressures, highlighting the need for conservation policies.

**Keywords:** dunes, microorganisms, mining, Restinga, soil

**RESUMO** - (Comunidades de fungos filamentosos em áreas costeiras de Mata Atlântica no Nordeste brasileiro). Programas de revegetação de áreas degradadas por mineração visam recompor os processos essenciais do solo e ajudar na recuperação das comunidades fúngicas associadas. O objetivo deste estudo foi determinar a composição da comunidade de fungos filamentosos em áreas costeiras naturais e revegetadas de Mata Atlântica e fornecer informações sobre a regeneração da micobiota do solo em ambientes em recuperação. Cinquenta e duas espécies de fungos filamentosos foram identificadas. A análise ANOSIM indicou que as comunidades fúngicas diferem entre as áreas naturais e revegetadas ( $R_{\text{global}} = 0,186$ ;  $p < 0,0001$ ). *Penicillium citreonigrum* foi um indicador de áreas naturais, mas nenhuma espécie foi um indicador das áreas revegetadas. Áreas revegetadas apresentaram maior riqueza de espécies, demonstrando que a revegetação contribuiu para a recuperação e aumento da diversidade de fungos. Os resultados enfatizam a importância de inventários de biodiversidade em áreas costeiras sujeitas a pressões naturais e antrópicas, destacando a necessidade de políticas de conservação.

**Palavras-chave:** dunas, micro-organismos, mineração, Restinga, solo

## Introdução

A costa brasileira é formada por um mosaico de ecossistemas de grande relevância ambiental, incluindo mangues, dunas, praias, ilhas, costões rochosos, baías, brejos, falésias, estuários, recifes de coral e restingas. Neste sentido, as dunas e restingas desempenham diversos serviços ecossistêmicos, tais como: proteção da costa, captação e purificação de água, manutenção da fauna e flora, sequestro de carbono, além de serem utilizados para turismo

(Barbier *et al.* 2011). No entanto, as dunas estão fortemente comprometidas a partir de um ponto de vista ecológico, devido ao crescimento das cidades e exploração de recursos minerais e vegetais (Andres & Mateos 2006). O processo de degradação ambiental gerado pelas pressões antrópicas e a capacidade limitada desses ambientes em absorver esses impactos, levam à perda constante de habitats e da biodiversidade em ecossistemas costeiros (Emery & Rudgers 2010).

Em particular, o impacto das atividades de mineração leva a mudanças na comunidade rizosférica,

1. Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste, Laboratório de Pesquisas Aplicadas à Biofábrica. Av. Prof. Luís Freire 1, Cidade Universitária, Recife, PE, Brasil, 50740-545
2. Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Micologia. Av. Prof. Moraes Rego 1235, Cidade Universitária, Recife, PE, Brasil, 50670-901
3. Autor para correspondência: [flaviapaco@hotmail.com](mailto:flaviapaco@hotmail.com)

com consequências para o equilíbrio das funções edáficas (Requena *et al.* 2001) e as complexas interações entre as comunidades biológicas que compõem esses ambientes (Odum & Barrett 2011). O processo requer a remoção da vegetação natural e intensa movimentação do solo, causando modificações físicas e biológicas para o sistema, colocando em risco o processo de regeneração natural de espécies nativas (Andres & Mateos 2006, Emery & Rudgers 2010).

Micro-organismos da rizosfera são responsáveis por vários processos que mantêm o sistema e determinam a sua sustentabilidade. Mudanças nas características relacionadas à diversidade e funcionalidade das comunidades microbianas refletem as alterações nos processos de ciclagem de nutrientes e na estrutura e produtividade das comunidades vegetais (Morgan *et al.* 2005). Neste contexto, a diversidade de micro-organismos do solo e suas funções têm sido mais amplamente estudadas devido a sua importância para a manutenção e/ou recuperação dos ecossistemas naturais e/ou impactados.

Em áreas degradadas, vários fatores podem estar envolvidos na determinação da estrutura das comunidades de plantas e micro-organismos e suas interações. Estes incluem a presença de espécies vegetais tolerantes, a composição química e biológica dos solos e a diversidade da microbiota (Gustafson & Casper 2006). Certamente, a restauração do potencial microbiológico pode ser um fator fundamental em programas de revegetação (Barea *et al.* 2005).

Com o crescente impacto humano sobre as áreas costeiras (Imbrenda *et al.* 2012), estudos sobre a microbiota do solo são fundamentais para o desenvolvimento de programas de preservação e revegetação eficazes no Brasil (Matsumoto *et al.* 2005). Assim, foram testadas três hipóteses: i) áreas costeiras mineradas e revegetadas apresentam menor riqueza de fungos filamentosos do solo quando comparadas com áreas costeiras naturais de Mata Atlântica; ii) há espécies indicadoras para ambientes naturais e áreas revegetadas; iii) modificações nas características físicas e químicas do solo acarretam em diferenças entre as comunidades fúngicas do solo em ambientes perturbados e não-perturbados. Os objetivos deste trabalho foram determinar as comunidades de fungos filamentosos em áreas de dunas costeiras naturais e revegetadas de Mata Atlântica e relacionar estas comunidades com os atributos do solo, visando fornecer informações sobre a regeneração da microbiota do solo em ambientes em processo de recuperação.

## Material e métodos

Área de estudo - As áreas de Restinga estudadas, incluídas na Mata Atlântica, localizam-se no Município de Mataraca, ao norte do Estado da Paraíba, Nordeste do Brasil (6°28'20"-6°30'00"S, 34°55'50"-34°57'10"W), e são propriedade da empresa "Millennium Inorganic Chemicals Mineração, a Cristal Company". Mais informações sobre o processo de mineração e minérios extraídos, clima, temperatura e precipitação podem ser encontrados em Souza *et al.* (2013) e Silva *et al.* (2012, 2015).

Neste estudo foram consideradas as seguintes áreas costeiras: (a) duas áreas de restingas arbóreas naturais, caracterizadas pela presença das espécies *Tabebuia roseo-alba* (Ridl.) Sandw., *Ziziphus joazeiro* Mart., *Psidium decussatum* D.C., *Xylopia nitida* Dun., *Buchenavia capitata* (Vahl.) Eichl., *Duguetia gardneriana* Mart., *Hymenia rubriflora* Ducke var. *glabra* Lee, *Apeiba tibourbou* Aubl., entre outras; (b) duas áreas de restingas arbustivas/arbóreas revegetadas em 1989 e 2001 com aproximadamente 80 espécies nativas, principalmente das famílias Leguminosae, Anacardiaceae, Bignoniaceae, Rhamnaceae, Myrtaceae, Rubiaceae, Chrysobalanaceae, Annonaceae, Malvaceae, Sapotaceae, entre outras. As informações sobre a vegetação são baseadas em Oliveira-Filho & Carvalho (1993).

Coleta e análise química de solo - Em cada uma das áreas (duas naturais e duas revegetadas), quatro parcelas de 100 m<sup>2</sup> (20 × 5 m) foram delimitadas, sendo coletadas seis subamostras (0-20 cm de profundidade) para compor uma amostra composta por parcela, totalizando quatro amostras compostas de solo rizosférico por área. As amostras foram acondicionadas em sacos plásticos, transportadas para o laboratório no prazo de 48 horas após a coleta e armazenadas a 4 °C até o processamento. Ao todo, foram realizadas nove coletas de solo considerando três por ano (março, julho e novembro) em 2010, 2011 e 2012.

As amostras de solo foram analisadas no laboratório de solos da Estação Experimental de Cana-de-Açúcar do Carpina, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil.

Isolamento e identificação de fungos filamentosos - Os fungos foram isolados por suspensão em série de cada amostra de solo em água destilada esterilizada (1:1000 v/v), e 1 mL de cada suspensão foi adicionado à placa de Petri, em triplicata, com meio Agar Sabouraud

acrescido com 50 mg L<sup>-1</sup> de cloranfenicol. As placas foram incubadas por 72 h a 28 °C, e as colônias transferidas para placas contendo Ágar Czapek ou Ágar Extrato de Malte e mantidas por até 30 dias, a depender do grupo de fungos, para permitir a formação de estruturas reprodutivas.

Os fungos foram identificados com base nas características macro e microscópicas, utilizando a taxonomia morfológica (Ames 1961, Booth 1971, Carmichael *et al.* 1980, Domsch *et al.* 1980, Ellis 1971, Ellis 1976, Klich & Pitt 1994, Pitt 1988, Raper *et al.* 1949, Rifai 1969, Schipper 1984, von Arx *et al.* 1986).

**Análise estatística - Análise de Similaridade (ANOSIM)** com base na abundância de dados de espécies foi realizada para verificar diferenças entre as estações (seca e chuvosa) e grupos (naturais e revegetadas) usando o índice de Bray-Curtis. O valor de R indica se as diferenças estão mais relacionadas com a composição de espécies ( $R_{global} > 0,50$ ) ou com as diferenças na frequência e abundância das espécies ( $R_{global} < 0,50$ ). ANOSIM também foi aplicado para os dados físico-químicos do solo, a fim de determinar as diferenças e semelhanças entre grupos de amostras. Porcentagem de similaridade/dissimilaridade (SIMPER) foi determinada entre os grupos (naturais e revegetadas) de acordo com Clarke (1993) e Clarke & Warwick (2001).

Valores de espécies indicadoras foram calculados para cada espécie na área. Esta análise leva em consideração a frequência relativa e abundância das espécies (Dufrêne & Legendre 1997). A significância do valor indicador (VI) para cada espécie foi avaliada utilizando o teste de Monte Carlo com 1000 permutações, e as espécies foram consideradas como indicadoras quando apresentaram  $p < 0,05$  e VI maior ou igual a 40% (Kubosova *et al.* 2010).

A análise BIO-ENV foi realizada para determinar se a estrutura das comunidades e as características do solo foram relacionadas, e para definir o conjunto de variáveis ambientais que apresentam maior correlação com as dissimilaridades das comunidades de fungos utilizando a distância euclidiana (Clarke & Ainsworth 1993).

Para obter uma representação visual das similaridades entre as áreas, uma análise de ordenação (escalonamento multidimensional não-métrico/MDS) com base na abundância das espécies foi realizada utilizando a similaridade Bray-Curtis (Kruskal 1964). Os dados de abundância das espécies foram

transformados em raiz quadrada antes da análise para minimizar o efeito da dominância de táxons únicos, e um nível de significância de 0,05 foi utilizado em todas as análises.

A análise do VI foi realizada com auxílio do programa PC-ORD versão 5.0 (McCune & Mefford 2006) e para as análises ANOSIM, SIMPER, BIO-ENV e MDS utilizou-se o programa PRIMER versão 6.0 (Clarke & Gorley 2006). Os dados de fungos do solo foram analisados separadamente para examinar a variação dentro da estrutura das comunidades nas áreas de restinga naturais e revegetadas.

## Resultados

As áreas de estudo possuem solos arenosos, e a maioria dos atributos do solo são semelhantes em ambas áreas estudadas, com as áreas naturais apresentando altos valores de Mg, CTC, Mn e P, e as áreas revegetadas contendo valores elevados de Fe, Zn e MO (tabela 1).

Ao todo foram identificadas 52 espécies de fungos filamentosos distribuídas em 12 gêneros e seis famílias (Chaetomiaceae, Cunninghamellaceae, Hypocreaceae, Nectriaceae, Ophiocordycipitaceae and Trichocomaceae). Quarenta e sete espécies ocorreram nas áreas revegetadas, enquanto 39 nas áreas naturais. A maioria das espécies pertence ao gênero *Penicillium* (24 e 21 espécies isoladas das áreas revegetadas e naturais, respectivamente) (tabela 2).

Trinta e quatro espécies foram comuns a ambas as áreas, com 11 delas apresentando maior abundância e frequência em áreas revegetadas, enquanto três foram mais abundantes e frequentes nas áreas naturais. Dezoito espécies foram menos abundantes, porém mais frequentes nas áreas perturbadas. *Aspergillus versicolor*, *Emericella nidulans*, *Penicillium sclerotigenum*, *P. spinulosum* e *P. turbatum* foram exclusivas das restingas naturais, enquanto 13 espécies foram identificadas apenas nas áreas revegetadas (tabela 2).

A análise de similaridade (ANOSIM) indicou que as comunidades de fungos diferem entre as áreas de restingas naturais e revegetada ( $p < 0,0001$  e  $R_{global} = 0,186$ ), mas não foram observadas diferenças nas comunidades entre as estações/meses do ano ( $p = 0,129$  e  $R_{global} = 0,02$ ). A análise SIMPER mostrou dissimilaridade de 78,5% entre as duas áreas estudadas, e as espécies que mais contribuíram para esta diferença foram *Talaromyces pinophilus* (7,7%), *Aspergillus brasiliensis* (6,8%) e *Penicillium restrictum* (5,5%) (tabela 3). A análise MDS permitiu

Tabela 1 Características físicas e químicas das amostras de solo coletadas em áreas costeiras naturais e revegetadas no Nordeste brasileiro.

Table 1 Physical and chemical characteristics of soil samples collected from natural and revegetated coastal areas in Northeastern Brazil

Áreas	Na	Al	Mg	CTC	Mn	Fe	Cu	Zn	P	MO
	cmolc dm <sup>-3</sup>									
Natural	0,86a	0,96a	0,79a	5,80a	31,00a	37,00b	0,09a	3,56b	2,11a	5,27b
Revegetada	0,74a	0,85a	0,54b	5,02b	18,23b	56,34a	0,09a	7,75a	1,86b	11,42a

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem de acordo com o teste de Tukey ( $p \leq 0,05$ ). CTC: capacidade de troca catiônica; MO: matéria orgânica.

Tabela 2. Abundância relativa (AR), frequência de ocorrência (FO) e espécies de fungos filamentosos indicadores de áreas costeiras naturais (N) e revegetadas (R) no Nordeste brasileiro.

Table 2. Relative abundance (AR), frequency of occurrence (FO) and filamentous fungi species indicator of natural (N) and revegetated (R) coastal areas in Northeastern Brazil.

Espécies	Natural		Revegetada		Espécie Indicadora		
	AR	FO	AR	FO	Grupo	VI	p
<i>Absidia cylindrospora</i> Hagem	3,87	8,05	0,33	10,42	N	37,2	0,0001
<i>Aspergillus alliaceus</i> Thom & Church	0,00	0,00	1,77	16,67	R	16,7	0,0065
<i>Aspergillus brasiliensis</i> Varga, Frisvad & Samson	5,83	12,15	12,35	91,67	-	-	-
<i>Aspergillus carbonarius</i> (Bainier) Thom	0,00	0,00	4,21	20,83	R	20,8	0,0017
<i>Aspergillus flavus</i> Link	2,03	4,23	1,34	18,75	R	8,9	0,9008
<i>Aspergillus fumigatus</i> Fresen,	0,33	0,68	0,86	20,83	R	16,3	0,0421
<i>Aspergillus japonicus</i> Saito	0,00	0,00	3,54	22,92	R	22,9	0,0005
<i>Aspergillus nidulans</i> (Eidam) G. Winter	5,24	10,92	2,06	33,33	-	-	-
<i>Aspergillus parasiticus</i> Speare	1,77	3,69	0,24	6,25	N	14,1	0,0591
<i>Aspergillus sclerotiorum</i> G.A. Huber	0,00	0,00	0,62	2,08	R		1,0000
<i>Aspergillus versicolor</i> (Vuill.) Tirab.	1,18	2,46	0,00	0,00	N	8,3	0,0243
<i>Aspergillus viridinutans</i> Ducker & Thrower	0,00	0,00	0,53	10,42	R	10,4	0,5500
<i>Emericella nidulans</i> (Eidam) Vuill.	8,45	17,61	0,00	0,00	-	-	-
<i>Fusarium oxysporum</i> Schldtl.	0,06	0,14	0,48	16,67	R	15,2	0,0243
<i>Fusarium solani</i> Sacc.	3,14	6,55	1,91	50,00	R	22,7	0,8898
<i>Gongronella butleri</i> (Lendn.) Peyronel & Dal Vesco	3,21	6,69	1,15	29,17	N	14,0	0,7707
<i>Latorua caligans</i> (Bat. & H.P. Upadhyay) Crous	0,00	0,00	0,72	20,83	R	22,9	0,0004
<i>Penicillium aurantiogriseum</i> Dierckx	1,70	3,55	0,05	2,08	N	18,1	0,0049
<i>Penicillium bilaiae</i> Chalab.	2,36	4,91	1,48	25,00	R	11,6	0,7944
<i>Penicillium citreonigrum</i> Dierckx	5,04	10,51	0,05	2,08	N	43,2	0,0001
<i>Penicillium citrinum</i> Thom	0,00	0,00	0,91	18,75	R	18,8	0,0025
<i>Penicillium commune</i> Thom	0,26	0,55	3,16	33,33	R	31,4	0,0001
<i>Penicillium corylophilum</i> Dierckx	1,57	3,28	1,53	25,00	R	14,3	0,9600
<i>Penicillium decumbens</i> Thom	5,96	12,42	6,70	50,00	-	-	-
<i>Penicillium dierckxii</i> Biourge	1,70	3,55	0,76	6,25	N	7,7	0,4478
<i>Penicillium dodgei</i> Pitt	2,75	5,73	1,10	25,00	N	14,8	0,5746

continua

Tabela 2 (continuação)

Espécies	Natural		Revegetada		Espécie Indicadora		
	AR	FO	AR	FO	Grupo	VI	p
<i>Penicillium echinulatum</i> E. Dale	0,00	0,00	1,05	16,67	R	16,7	0,0051
<i>Penicillium expansum</i> Link	0,00	0,00	1,24	16,67	R	16,7	0,0051
<i>Penicillium glabrum</i> (Wehmer) Westling	3,01	6,28	0,81	20,83	N	13,7	0,6562
<i>Penicillium implicatum</i> Biourge	5,96	12,42	0,62	6,25	-	-	-
<i>Penicillium italicum</i> Wehmer	0,00	0,00	0,72	16,67	R	16,7	0,0065
<i>Penicillium janczewskii</i> K.M. Zalesky	4,13	8,60	2,01	29,17	-	-	-
<i>Penicillium lividum</i> Westling	0,33	0,68	0,24	6,25	R	3,1	0,9372
<i>Penicillium melinii</i> Thom	0,65	1,36	0,57	8,33	R	4,5	0,7136
<i>Penicillium miczynskii</i> K.M. Zalesky	0,59	1,23	0,86	18,75	R	12,5	0,1208
<i>Penicillium montanense</i> M. Chr. & Backus	2,42	5,05	1,34	16,67	N	13,0	0,5369
<i>Penicillium oxalicum</i> Currie & Thom	0,00	0,00	0,67	16,67	R	16,7	0,0065
<i>Penicillium restrictum</i> J.C. Gilman & E.V. Abbott	0,46	0,95	9,43	66,67	-	-	-
<i>Penicillium sclerotigenum</i> T. Yamam.	0,85	1,77	0,00	0,00	N	16,7	0,0046
<i>Penicillium simplicissimum</i> (Oudem.) Thom	2,29	4,78	5,22	37,50	-	-	-
<i>Penicillium solitum</i> Westling	0,00	0,00	0,72	8,33	R	8,3	0,1197
<i>Penicillium spinulosum</i> Thom	3,47	7,23	0,00	0,00	N	16,7	0,0046
<i>Penicillium turbatum</i> Westling	0,79	1,64	0,00	0,00	N	10,4	0,0578
<i>Penicillium waksmanii</i> K.M. Zalesky	<b>0,92</b>	1,91	0,76	10,42	N	8,7	0,7578
<i>Purpureocillium lilacinum</i> (Thom) Luangsa-ard, Houbraken, Hywel-Jones & Samson	<b>0,06</b>	0,14	1,00	25,00	R	23,9	0,0014
<i>Talaromyces islandicus</i> (Sopp) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	<b>0,26</b>	<b>0,55</b>	0,62	6,25	R	4,8	0,4899
<i>Talaromyces pinophilus</i> (Hedgc.) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	11,93	<b>24,85</b>	20,58	83,33	-	-	-
<i>Talaromyces rugulosus</i> (Thom) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	1,38	10,41	<b>0,29</b>	4,17	N	8,1	0,2630
<i>Talaromyces verruculosus</i> (Peyronel) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	1,11	2,32	<b>1,91</b>	47,92	R	33,6	0,0168
<i>Thielavia microspora</i> Mouch.	0,00	0,00	0,62	<b>16,67</b>	R	16,7	0,0065
<i>Trichoderma harzianum</i> Rifai	2,03	4,23	0,53	<b>18,75</b>	N	21,5	0,0877
<i>Trichoderma koningii</i> Oudem.	0,85	1,77	0,29	<b>6,25</b>	N	5,7	0,6606
Riqueza de espécies	39		47				

VI: valor indicador. Espécie em negrito é considerada bom indicador.  $p < 0,05$  (significância para permutação de Monte Carlo).

a observação das diferenças indicadas pela ANOSIM, e foi possível ver a sobreposição das comunidades de fungos em ambientes naturais e revegetados (figura 2).

*Penicillium citreonigrum* (VI = 43,2;  $p < 0,0001$ ) foi revelada como indicadora de áreas de restingas naturais (tabela 2). A análise BIO-ENV não selecionou nenhum fator que possa afetar as comunidades de fungos, com correlações muito baixas e não significativas ( $r_s = 0,135$ ;  $p > 0,05$ ).

## Discussão

Embora tenham sido detectadas diferenças em alguns atributos físico-químicos do solo (Mg, Mn, Fe, Zn, CTC, P e MO) entre as áreas, de acordo com o tipo de uso do solo (natural ou revegetado), nenhum dos atributos foi selecionado como fator estruturante das comunidades de fungos. A análise BIO-ENV selecionou o conteúdo de P como fator estruturante ( $p < 0,05$ ), mas a correlação foi muito baixa ( $r_s = 0,216$ ). Alguns

Tabela 3 Contribuição das espécies (SIMPER) de fungos filamentosos para similaridade e dissimilaridade entre os grupos (natural e revegetada) com base na medida de distância de Bray-Curtis.

Table 3 Contribution of filamentous fungi species (SIMPER) for similarity and dissimilarity between groups (natural and revegetated) based on the Bray-Curtis distance.

Áreas Naturais			Áreas revegetadas		
Espécies	Contrib%	Cum%	Espécies	Contrib%	Cum%
<i>Talaromyces pinophilus</i>	34,68	34,68	<i>Talaromyces pinophilus</i>	32,11	32,11
<i>Aspergillus brasiliensis</i>	10,34	45,01	<i>Aspergillus brasiliensis</i>	22,26	54,37
<i>Penicillium implicatum</i>	8,04	53,05	<i>Penicillium restrictum</i>	9,53	63,9
<i>Penicillium decumbens</i>	7,27	60,31	<i>Penicillium decumbens</i>	5,16	69,05
<i>Penicillium citreonigrum</i>	5,13	65,44	<i>Fusarium solani</i>	3,50	72,55
<i>Absidia cylindrospora</i>	4,43	69,87	<i>Talaromyces rugulosus</i>	3,24	75,79
<i>Penicillium simplicissimum</i>	3,76	73,64	<i>Penicillium janczewskii</i>	2,84	78,63
<i>Fusarium solani</i>	3,33	76,97	<i>Penicillium simplicissimum</i>	2,81	81,44
<i>Penicillium dodgei</i>	2,54	79,50	<i>Penicillium commune</i>	2,68	84,12
<i>Trichoderma harzianum</i>	2,27	81,77	<i>Aspergillus nidulans</i>	1,43	85,55
<i>Penicillium corylophilum</i>	2,16	83,93	<i>Penicillium dodgei</i>	1,22	86,77
<i>Emericella nidulans</i>	2,04	85,97	<i>Aspergillus japonicus</i>	1,10	87,87
<i>Penicillium aurantiogriseum</i>	1,96	87,94	<i>Gongronella butleri</i>	1,10	88,97
<i>Penicillium glabrum</i>	1,39	89,32	<i>Penicillium bilaiae</i>	0,97	89,94
<i>Penicillium montanense</i>	1,15	90,47	<i>Penicillium corylophilum</i>	0,89	90,83
Similaridade média	23,17		Similaridade média	32,23	
Dissimilaridade: Grupos Natural e Revegetada					
Espécies	Contrib%	Cum%	Espécies	Contrib%	Cum%
<i>Talaromyces pinophilus</i>	7,67	7,67	<i>Penicillium bilaiae</i>	2,00	67,90
<i>Aspergillus brasiliensis</i>	6,81	14,48	<i>Trichoderma harzianum</i>	1,99	69,89
<i>Penicillium restrictum</i>	5,45	19,92	<i>Aspergillus japonicus</i>	1,87	71,76
<i>Penicillium decumbens</i>	4,89	24,82	<i>Aspergillus flavus</i>	1,85	73,61
<i>Penicillium simplicissimum</i>	3,72	28,54	<i>Penicillium waksmanii</i>	1,64	75,25
<i>Penicillium janczewskii</i>	3,64	32,18	<i>Penicillium aurantiogriseum</i>	1,58	76,83
<i>Penicillium implicatum</i>	3,47	35,65	<i>Aspergillus carbonarius</i>	1,44	78,27
<i>Fusarium solani</i>	3,02	38,67	<i>Penicillium dierckxii</i>	1,34	79,61
<i>Penicillium commune</i>	2,94	41,61	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	1,23	80,84
<i>Penicillium dodgei</i>	2,8	44,41	<i>Talaromyces rugulosus</i>	1,14	81,98
<i>Penicillium citreonigrum</i>	2,67	47,08	<i>Aspergillus fumigatus</i>	1,12	83,10
<i>Talaromyces verruculosus</i>	2,58	49,67	<i>Aspergillus parasiticus</i>	1,08	84,18
<i>Aspergillus nidulans</i>	2,52	52,19	<i>Trichoderma koningii</i>	1,04	85,21
<i>Absidia cylindrospora</i>	2,49	54,67	<i>Penicillium spinulosum</i>	1,03	86,24
<i>Penicillium montanense</i>	2,38	57,06	<i>Penicillium melinii</i>	0,99	87,23
<i>Penicillium glabrum</i>	2,33	59,38	<i>Latorua caligan</i>	0,98	88,21
Áreas Naturais			Áreas revegetadas		
Dissimilaridade: Grupos Natural e Revegetada					
Espécies	Contrib%	Cum%	Espécies	Contrib%	Cum%
<i>Penicillium corylophilum</i>	2,27	61,65	<i>Penicillium miczynskii</i>	0,98	89,19
<i>Gongronella butleri</i>	2,22	63,87	<i>Aspergillus alliaceus</i>	0,91	90,10
<i>Emericella nidulans</i>	2,03	65,91			
Dissimilaridade média	78,45				

Contrib% = porcentagem de contribuição de cada espécie; Cum% = porcentagem de contribuição acumulativa para similaridade/dissimilaridade entre os grupos.

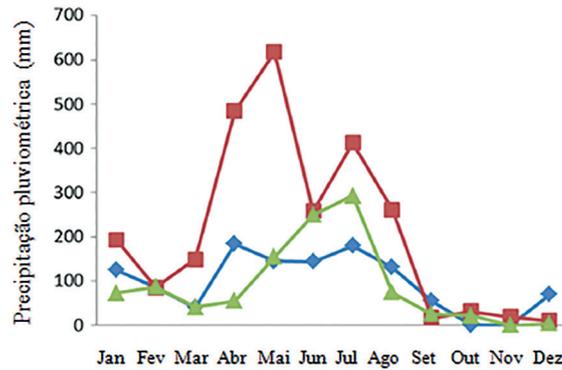


Figura 1 Chuvas de janeiro a dezembro de 2010, 2011 e 2012 no município de Mataraca, Estado da Paraíba, Nordeste brasileiro. ♦ 2010; ■ 2011; ▲ 2012.

Figure 1 Rainfall from January to December of 2010, 2011 and 2012 in the Municipality of Mataraca, Paraíba State, Northeastern Brazil. ♦ 2010; ■ 2011; ▲ 2012.

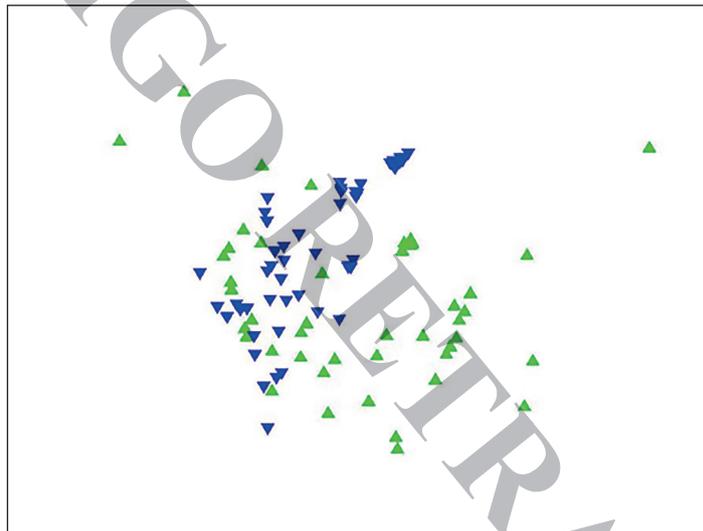


Figura 2 Análise de escalonamento multidimensional baseada na comunidade de fungos filamentosos do solo em áreas de restinga naturais e revegetadas no Nordeste brasileiro. ▲ Natural; ▼ Revegetada. Transform: Square Root. Resemblance: S17 Bray Curtis Similarity. 2D Stress: 0,22.

Figure 2 Multidimensional scaling analysis based on the community of soil filamentous fungi in natural and revegetated “Restinga” areas in Northeastern Brazil. ▲ Natural; ▼ Revegetated. Transform: Square Root. Resemblance: S17 Bray Curtis Similarity. 2D Stress: 0,22.

estudos mostraram influência dos atributos do solo na ocorrência de fungos como um dos principais fatores que moldaram as comunidades desses organismos do solo (Taylor *et al.* 2014, Wang *et al.* 2014). No entanto, outro estudo não mostrou a influência das propriedades físico-químicas do solo nas comunidades fúngicas e atribuíram essa falta de influência a outros fatores, como tipo de vegetação e uso do solo (Cutler *et al.* 2014), que podem exercer maiores efeitos sobre as comunidades fúngicas, como observado neste estudo.

*Penicillium* representa um grande grupo, amplamente distribuído, ocorrendo principalmente em florestas tropicais (Klich *et al.* 2002, Cruz *et al.* 2013), incluindo os ambientes costeiros (Dunn & Baker 1984, Migahed 2003, Salvo & Fabiano 2007, Gomes *et al.* 2008, Dethoup & Manoch 2009, Panda 2010).

A ocorrência das mesmas espécies, em ambas as áreas, sugere que as áreas naturais, possivelmente, representam uma fonte de propágulos para as áreas revegetadas (Silva *et al.* 2012), mostrando a

importância da preservação dos ambientes naturais em torno das áreas em recuperação.

A primeira hipótese afirma que as áreas costeiras de Mata Atlântica são mais ricas em fungos do solo que as áreas mineradas, revegetadas; no entanto, ocorre o inverso, com maior riqueza nas áreas revegetadas que nas áreas naturais. O maior número de espécies exclusivas, aumentando a riqueza de fungos nas áreas revegetadas, pode ser explicado pela heterogeneidade produzida por perturbações da estrutura do solo quando as áreas foram mineradas (Guimarães *et al.* 2002), assim como à introdução de fungos em conjunto com o substrato para a produção de plântulas usadas para a revegetação das áreas (Souza *et al.* 2010, 2012, 2013).

Espécies comuns às áreas naturais e revegetadas apresentam abundância e/ou frequência aumentadas nas áreas revegetadas, como observado para a maioria das espécies de *Penicillium*. As comunidades de fungos variam com a fase de decomposição da serapilheira e mudanças na distribuição de espécies de plantas acarretam alterações na distribuição espacial dos fungos, com alguns táxons apresentando preferência por um tipo especial de substrato; isso provavelmente contribui para uma maior riqueza, abundância e frequência de espécies nas áreas revegetadas, em comparação com as áreas naturais (Treseder *et al.* 2014).

O aumento da abundância e frequência de algumas espécies nas áreas revegetadas também pode ser devido à aração (revolvimento) do solo, durante desmontagem das dunas, e posterior propagação da cobertura do solo nessas áreas antes do plantio das mudas, com uma distribuição mais uniforme das espécies neste ambiente (Silva *et al.* 2012, Souza *et al.* 2010, 2012, 2013).

A composição (abundância e frequência) de espécies em ambientes em recuperação reflete o papel funcional desses fungos, os quais são importantes nas transferências de energia de um nível trófico para outro e podem ser descritos como sucessores primários quando colonizam superfícies de solo sem vegetação, e sucessores secundários quando ocorrem após perturbação que desencadeie mudanças durante a sucessão (Frankland 1998). Esses ambientes alterados tornam-se locais propícios ao crescimento de espécies com atividade mais intensa, como evidenciado nesse estudo pelo predomínio de espécies de *Penicillium* nas áreas revegetadas. Esse gênero é responsável pela colonização intermediária-secundária do substrato, degradando moléculas de maior complexidade, e

desempenha papel importante nos processos de ciclagem do carbono e nutrientes do solo, contribuindo na recuperação edáfica dessas áreas (Kasel *et al.* 2008, Peršoh *et al.* 2013).

Algumas espécies mostram aumento da abundância e frequência ou exclusividade nas condições naturais, possivelmente devido à estabilidade/equilíbrio dessas áreas, o que as tornam aptas a ocupar nichos específicos (Frankland 1998). Exemplos são: *A. versicolor*, *E. nidulans*, *P. aurantiogriseum* e *P. citreonigrum*, os quais têm sido relatados prioritariamente em áreas naturais (Migahed 2003, Schoenlein-Crusius *et al.* 2006, Gomes *et al.* 2008, Panda 2010, de Carvalho *et al.* 2012).

A segunda hipótese era a de que seria possível encontrar espécies indicadoras dos ambientes estudados, e confirmou-se pela seleção do *P. citreonigrum*, indicador de áreas naturais, mostrando que esses ambientes têm as condições ideais para o seu crescimento, ou que esta espécie é mais competitiva nesses ambientes.

A terceira hipótese afirmou que as diferenças nas comunidades de fungos do solo entre áreas perturbadas e não perturbadas estão relacionadas a alterações nas propriedades físicas e químicas do solo. O que não foi confirmado em nosso estudo, uma vez que o procedimento BIO-ENV, com exceção do tipo de uso do solo (natural ou revegetado), não foi capaz de selecionar fatores abióticos que poderiam influenciar as comunidades de fungos, como indicado pela ANOSIM. Assim, outros fatores são mais importantes para definir as comunidades de fungos do solo em áreas de Restinga. As diferenças espaciais entre os locais, como mostrado pelo MDS, parecem estar relacionadas às interações biológicas planta-solo nas áreas revegetadas e naturais, uma vez que os fatores físicos e químicos do solo não estão diretamente influenciando esta relação. A diferença entre áreas naturais e revegetadas está mais relacionada à composição de suas comunidades nesses locais.

A identificação de espécies em uma área fornece informações adicionais sobre a biodiversidade, enfatizando a importância dos inventários para orientar as políticas de conservação para as áreas costeiras expostas às pressões naturais e antropogênicas, sendo também pouco estudadas do ponto de vista das comunidades microbianas do solo.

As áreas costeiras de Mata Atlântica são consideradas “hotspots” de conservação da biodiversidade, com base nas comunidades de plantas e animais (Conservação Internacional - Brasil), e

considerando nossos resultados, estas áreas também podem ser consideradas como “hotspots” para conservação das comunidades fúngicas. Enquanto a informação sobre a diversidade de plantas e animais para a Mata Atlântica está disponível, o conhecimento sobre fungos é ainda muito escasso e deve ser levado em conta, considerando as contribuições desses micro-organismos para os ecossistemas.

As regiões tropicais são consideradas como tendo a maior diversidade de fungos (Arnold & Lutzoni 2007), como também para outros grupos de organismos, e o maior número de espécies não descritas estão, provavelmente, em florestas úmidas tropicais da região Neotropical, Afrotropical e Indomalaia, com perturbações antropogênicas mínimas, e conseqüentemente menos estudadas e cientificamente pouco exploradas em comparação com outros biomas (Giam *et al.* 2012). A maior parte do Domínio Mata Atlântica é altamente fragmentada e sob pressão antrópica. Neste ambiente, espécies não descritas estão sujeitas a um risco maior de extinção em comparação com espécies conhecidas devido a muitos fatores, incluindo a ocorrência em pequenas áreas geográficas (Giam *et al.* 2012). Para fungos, a situação é ainda mais grave por não sabermos quantas espécies são para serem descobertas. As últimas estimativas, com base em métodos moleculares, sugerem que existem de 2,2 a 3,8 milhões de espécies de fungos, mas existe uma grande diferença entre a estimativa e as espécies conhecidas, com apenas cerca de 120.000 espécies descritas (Hawksworth & Lücking, 2017).

Assim, mais estudos devem ser realizados, especialmente em áreas inexploradas, para aumentar o conhecimento sobre a diversidade desses grupos menos conhecidos, como os fungos, e reforçar a necessidade de estratégias de conservação.

### Agradecimentos

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de PNPd (F. Coutinho) e pelo auxílio à pesquisa; e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de pesquisa (L. Maia; INCT-Herbário Virtual, Protax, Sisbiota). Agradecemos também à empresa “Millennium Inorganic Chemicals, a Cristal Company” por permitir os estudos em suas áreas e pelo apoio logístico durante as coletas.

### Literatura citada

- Ames, L.M.** 1961. A monograph of the Chaetomiaceae. U.S. Army Research and Development, Washington.
- Andres, P., Mateos, E.** 2006. Soil mesofaunal responses to post-mining restoration treatments. *Applied Soil Ecology* 33: 67-78.
- Arnold, A.E., Lutzoni, F.** 2007. Diversity and host range of foliar fungal endophytes: are tropical leaves biodiversity hotspots? *Ecology* 88: 541-549.
- Barbier, E.B., Hacker, S.D., Kennedy, C., Koch, E.W., Stier, A.C., Silliman, B.R.** 2011. The value of estuarine and coastal ecosystem services. *Ecological Monographs* 81: 169-193.
- Barea, J.M., Pozo, M.J., Azcón, R., Azcón-Aguilar, C.** 2005. Microbial co-operation in the rhizosphere. *Journal of Experimental Botany* 417: 1761-1778.
- Booth, C.** 1971. The genus *Fusarium*. Commonwealth Mycological Institute, Kew.
- Carmichael, J.W., Kendrick, B., Connors, I.L., Sigler, L.** 1980. Genera of Hyphomycetes. University of Alberta Press, Edmonton.
- Clarke, K.R.** 1993. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. *Australian Journal of Ecology* 18: 117-143.
- Clarke, K.R., Ainsworth, M.** 1993. A method of linking multivariate community structure to environmental variables. *Marine Ecology Progress Series* 92: 205-219.
- Clarke, K.R., Gorley, R.N.** 2006. Primer v6: User Manual/Tutorial. PRIMER-E, Plymouth.
- Clarke, K.R., Warwick, R.M.** 2001. Change in marine communities: an approach to statistical analysis and interpretation. PRIMER-E, Plymouth.
- Cruz, R., Santos, C., Lima, J.S., Moreira, K.A., Souza-Motta, C.M.** 2013. Diversity of *Penicillium* in soil of Caatinga and Atlantic Forest areas of Pernambuco, Brazil: an ecological approach. *Nova Hedwigia* 97: 543-556.
- Cutler, N.A., Chaput, D.L., van der Gast, C.J.** 2014. Long-term changes in soil microbial communities during primary succession. *Soil Biology and Biochemistry* 69: 359-370.
- de Carvalho, F., de Souza, F.A., Carrenho, R., Moreira, F.M.S., Jesus, E.C., Fernandes, G.W.** 2012. The mosaic of habitats in the high-altitude Brazilian rupestrian fields is a hotspot for arbuscular mycorrhizal fungi. *Applied Soil Ecology* 52: 9-19.
- Dethoup, T., Manoch, L.** 2009. Diversity of marine fungi in Eastern Thailand. *Kasetsart Journal* 43: 100-106.
- Domsch, K.H., Gams, W., Anderson, T.H.** 1980. Compendium of Soil Fungi. Academic Press, London.
- Dufrêne, M., Legendre, P.** 1997. Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. *Ecological Monographs* 67: 345-366.

- Dunn, P.H., Baker, G.E.** 1984. Filamentous fungal populations of hawaiian beaches. *Pacific Science* 38: 232-248.
- Ellis, M.B.** 1971. Dematiaceous Hyphomycetes. Commonwealth Mycological Institute, Kew.
- Ellis, M.B.** 1976. More Dematiaceous Hyphomycetes. Commonwealth Mycological Institute, Kew.
- Emery, S.M., Rudgers, J.A.** 2010. Ecological assessment of dune restorations in the Great Lakes region. *Restoration Ecology* 18: 184-194.
- Frankland, J.C.** 1998. Fungal succession: unravelling the unpredictable. *Mycological Research* 102: 1-15.
- Giam, X., Scheffers, B.R., Sodhi, N.S., Wilcove, D.S., Ceballos, G., Ehrlich, P.R.** 2012. Reservoirs of richness: least disturbed tropical forests are centres of undescribed species diversity. *Proceedings of the Royal Society B* 279: 67-76.
- Gomes, D.N.F., Cavalcanti, M.A.Q., Fernandes, M.J.S., Lima, D.M.M., Passavante, J.Z.O.** 2008. Filamentous fungi isolated from sand and water of “Bairro Novo” and “Casa Caiada” beaches, Olinda, Pernambuco, Brazil. *Brazilian Journal of Biology* 68: 577-582.
- Guimarães, A.J.M., Araújo, G.M., Corrêa, G.F.** 2002. Phytosociological structure of natural and disturbed palm swampy vegetation near Uberlândia, MG. *Acta Botanica Brasilica* 16: 317-329.
- Gustafson, D.J., Casper, B.B.** 2006. Differential host plant performance as a function of soil arbuscular mycorrhizal fungal communities: experimentally manipulating co-occurring *Glomus* species. *Plant Ecology* 183: 257-263.
- Hawksworth, D.L., Lücking, R.** 2017. Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. *Microbiol Spectrum* 5: FUNK-0052-2016.
- Imbrenda, V., D’Emilio, M., Lanfredi, M., Ragosta, M., Simoniello, T.** 2012. Indicators of land degradation vulnerability due to anthropic factors: Tools for an efficient planning. In: G. Borruso, S. Bertazzon, A. Favretto, B. Murgante, C.M. Torre (eds.). *Geographic information analysis for sustainable development and economic planning: New technologies*. IGI Global, Hershey, pp. 87-101.
- Kasel, S., Bennett, L.T., Tibbits, J.** 2008. Land use influences soil fungal composition across central Victoria, south-eastern Australia. *Soil Biology & Biochemistry* 40: 1724-1732.
- Klich, M.A., Pitt, J.I.** 1994. A laboratory guide to common *Aspergillus* species and their teleomorphs. CSIRO Division of Food Processing, North Wales.
- Klich, M.A.** 2002. Identification of common *Aspergillus* species. CBS, Utrecht.
- Kruskal, J.B.** 1964. Nonmetric multidimensional scaling: a numerical method. *Psychometrika* 29: 115-129.
- Kubosova, K., Brabec, K., Jarkovsky, J., Syrovatka, V.** 2010. Selection of indicative taxa for river habitats: a case study on benthic macroinvertebrates using indicator species analysis and the random forest methods. *Hydrobiologia* 651: 101-114.
- Matsumoto, L.S., Martines, A. M., Avanzi, M. A., Aalbino U.B., Brasil, C.B., Saridakis, D.P., Rampazo, L.G.L., Zangaro, W., Andrade, G.** 2005. Interactions among functional groups in the cycling of carbon, nitrogen and phosphorus in the rhizosphere of three successional species of tropical woody trees. *Applied Soil Ecology* 28: 57-65.
- McCune, B., Mefford, M.J.** 2006. PC-ORD: multivariate analysis of ecological data. Version 5.14. MJM Software, Oregon.
- Migahed, F.F.** 2003. Distribution of fungi in the sandy soil of egyptian beaches. *Mycobiology* 31: 61-67.
- Morgan, J.A.W., Bending, G.D., White, P.J.** 2005. Biological costs and benefits to plant-microbe interactions in the rhizosphere. *Journal of Experimental Botany* 56: 1729-1739.
- Odum, E.P., Barrett, G.W.** 2011. Fundamentos de ecologia. Cengage Learning, São Paulo.
- Oliveira-Filho, A.T., Carvalho, D.A.** 1993. Floristic composition and physiognomy of the vegetation in the northern coastland of the state of Paraíba, NE, Brazil. *Revista Brasileira de Botânica* 16: 115-130.
- Panda, T.** 2010. Some sugar fungi in coastal sand dunes of Orissa, India. *Journal of Yeast and Fungal Research*, pp. 73-80.
- Peršoh, D., Segert, J., Zigan, A., Rambold, G.** 2013. Fungal community composition shifts along a leaf degradation gradient in a European beech forest. *Plant and Soil* 362: 175-186.
- Pitt, J.I.** 1988. A laboratory guide to common *Penicillium* species. CSIRO Division of Food Processing, North Ryde.
- Raper, K.B., Thom, C., Fennel, D.I.** 1949. A manual of the Penicillia. Williams & Wilkins Company, Baltimore.
- Requena, N., Perez-Solis, E., Azcón-Aguilar, C., Jeffries, P., Barea, J.M.** 2001. Management of indigenous plant-microbe symbioses aids restoration of desertified ecosystems. *Applied and Environmental Microbiology* 67: 495-498.
- Rifai, M.A.** 1969. A revision of the genus *Trichoderma*. *Mycological Papers* 116: 1-56.
- Salvo, V.S., Fabiano, M.** 2007. Mycological assessment of sediments in Ligurian beaches in the Northwestern Mediterranean: Pathogens and opportunistic pathogens. *Journal of Environmental Management* 83: 365-369.
- Schipper, M.A.A.** 1984. A revision of the genus *Rhizopus*: I. The *Rhizopus stolonifer*-group and *Rhizopus oryzae*. *Studies in Mycology* 25: 1-34.

- Schoenlein-Crusius, I.H., Milanez, A.I., Trufem, S.F.B., Pires-Zottarelli, C.L.A., Grandi, R.A.P., Santos, M.L., Giustra, K.C.** 2006. Microscopic fungi in the Atlantic Rainforest in Cubatão, São Paulo, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology* 37: 267-275.
- Silva, D.K.A., Pereira, C.M.R., Souza, R.G., Silva, G.A., Oehl, F., Maia, L.C.** 2012. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in restinga and dunes areas in Brazilian Northeast. *Biodiversity and Conservation* 21: 2361-2373.
- Silva, D.K.A., Coutinho, F.P., Escobar, I.E.C., Souza, R.G., Oehl, F., Silva, G.A., Cavalcante, U.M.T., Maia, L.C.** 2015. The community of arbuscular mycorrhizal fungi in natural and revegetated coastal areas (Atlantic Forest) in northeastern Brazil. *Biodiversity and Conservation* 24: 2213-2226.
- Souza, R.G., Goto, B.T., Silva, D.K.A., Barbosa, F.S.B., Sampaio, E.V.S.B., Maia, L.C.** 2010. The role of arbuscular mycorrhizal fungi and cattle manure in the establishment of *Tocoyena selloana* Schum. in mined dune areas. *European Journal of Soil Biology* 46: 237-242.
- Souza, R.G., Silva, D.K.A., Oliveira, J.R.G., Goto, B.T., Silva, F.S.B., Sampaio, E.V.S.B., Maia, L.C.** 2012. Use of mycorrhizal seedlings on recovery of mined dunes in northeastern Brazil. *Pedobiologia* 55: 303-309.
- Souza, R.G., Silva, D.K.A., Mello, C.M.A., Goto, B.T., Barbosa, F.S.B., Sampaio, E.V.S.B., Maia, L.C.** 2013. Arbuscular mycorrhizal fungi in revegetated mined dunes. *Land Degradation & Development* 24: 147-155.
- Taylor, D.L., Hollingsworth, T.N., McFarland, J.W., Lennon, N.J., Nusbaum, C., Ruess, R.W.** 2014. A first comprehensive census of fungi in soil reveals both hyperdiversity and fine-scale niche partitioning. *Ecological Monographs* 84: 3-20.
- Treseder, K.K., Maltz, M.R., Hawkins, B.A., Fierer, N., Stajich, J.E., McGuire, K.L.** 2014. Evolutionary histories of soil fungi are reflected in their large-scale biogeography. *Ecology Letters* 17: 1086-1093.
- von Arx, J.A., Guarro, J., Figueras, M.J.** 1986. The ascomycete genus *Chaetomium*. *Nova Hedwigia* 84: 1-162.
- Wang, M., Shi, S., Lin, F., Jiang, P.** 2014. Response of the soil fungal community to multi-factor environmental changes in a temperate forest. *Applied Soil Ecology* 81: 45-56.