



Diversidade fúngica em diferentes áreas de utilização do solo do Bioma Pampa

Comparison of fungal diversity in different areas of soil use in the Pampa Biome

Douglas Henrique Giovanella Rodrigues¹, Thais Müller², Claudete Rempel³,
Guilherme Liberato da Silva⁴, Daiane Heidrich⁵, Mônica Jachetti Maciel⁶

¹Acadêmico do curso de Medicina, Universidade do Vale do Taquari, Lajeado, Rio Grande do Sul, dhgdrigues@universo.univates.br. ²Mestra em Sistemas Ambientais Sustentáveis, doutoranda em Ambiente e Desenvolvimento, Universidade do Vale do Taquari, Lajeado, Rio Grande do Sul, mthais@universo.univates.br. ³Doutora em Ecologia, Professora do curso de Medicina e dos Programas de Pós-Graduação em Ambiente e Desenvolvimento e em Sistemas Ambientais Sustentáveis, Universidade do Vale do Taquari, Lajeado, Rio Grande do Sul, crempel@univates.br. ⁴Doutor em Microbiologia, Professor do Curso de Medicina e dos Programa de Pós-Graduação em Ciências Médicas e em Sistemas Ambientais Sustentáveis, Universidade do Vale do Taquari, Lajeado, Rio Grande do Sul, glibaliberato@univates.br. ⁵Doutora em Medicina: Ciências Médicas, Professora do curso de Medicinados e dos Programas de Pós-Graduação em Ciências Médicas e em Biotecnologia, Universidade do Vale do Taquari, Lajeado, Rio Grande do Sul, daiane.heidrich@univates.br. ⁶Doutora em Ciências Veterinárias, Professora dos Cursos de Ciência da Vida e de Medicina, Pesquisadora do Programa de Pós-Graduação em Sistemas Ambientais Sustentáveis, Universidade do Vale do Taquari, Lajeado, Rio Grande do Sul, monicajm@univates.br.

ARTIGO

Recebido: 16/08/2022
Aprovado: 28/12/2022

Palavras-chave:

Microbiota do solo
Silvicultura
Pastagem
Área nativa

RESUMO

No sul do Brasil, juntamente com a Argentina e o Uruguai, está situado o Bioma Pampa. A diversidade fúngica presente neste local pode ser afetada pelos meios de exploração do solo, que acabam, conseqüentemente, influenciando as demais comunidades biológicas. O objetivo deste estudo foi realizar a comparação da diversidade fúngica em diferentes áreas de utilização do solo do Bioma Pampa. Para tanto, foram realizadas coletas de solos na cidade de Pantano Grande, situada no Rio Grande do Sul. Três diferentes áreas de utilização do solo foram amostradas: área nativa, de pastagem e de silvicultura. Os fungos do solo foram isolados por meio da técnica da diluição decimal. A identificação ocorreu por meio das observações das características macro e microscópicas. Através de métodos estatísticos, analisou-se a diversidade dos fungos e se fez a comparação da comunidade de fungos entre as áreas amostradas. Foram isolados 265 indivíduos distribuídos em nove tipos taxonômicos. As três áreas apresentaram quatro táxons em comum (*Aspergillus niger*, *Aspergillus* sp., *Trichoderma* sp. e *Fusarium* sp.), enquanto as áreas utilizadas para a pastagem foram as únicas a apresentar exclusividade na presença de um táxon (*Verticillium* sp.). Com isso, pôde-se concluir que o solo das áreas utilizadas para pastagem apresenta a maior biodiversidade fúngica entre as áreas estudadas, entretanto, a riqueza fúngica entre os diferentes tipos de uso do solo não apresentou diferenças.

ABSTRACT

In southern Brazil, together with Argentina and Uruguay, is located the Pampa Biome. The fungal diversity present in this place can be affected by soil exploitation, which end up, consequently, influencing other biological communities. The objective of this study was to compare the fungal diversity in different land use areas in the Pampa Biome. For that, soil collections were carried out in the city of Pantano Grande, located in Rio Grande do Sul. Three different land use areas were sampled: native, pasture and forestry areas. Soil fungi were isolated using the decimal dilution technique. Identification occurred through observations of macro and microscopic characteristics. Through statistics methods, the diversity of fungi was analyzed and the fungal community was compared between the sampled areas. A total of 265 individuals distributed in nine taxonomic types were isolated. The three areas had four taxa in common (*Aspergillus niger*, *Aspergillus* sp., *Trichoderma* sp. and *Fusarium* sp.), while the areas used for pasture were the only ones to present exclusivity in the presence of a taxon (*Verticillium* sp.). With this, it was possible to conclude that the areas used for pasture have the highest fungal biodiversity among the studied areas; however, statistically, the fungal richness between the different types of land use did not present differences.

Key words:

Soil microbiota
Forestry
Pasture
Native area.

INTRODUÇÃO

O Bioma Pampa está situado entre o Brasil, a Argentina e o Uruguai, na parte sudeste da América do Sul, sendo caracterizado por conter uma vegetação nativa de pastagem, com a incidência de arbustos e árvores (BOLDRINI et al., 2010). Em território brasileiro, o Bioma possui uma área de 193.836 km² que está presente apenas no Rio Grande do Sul, recobrando 68,8% do território total do estado (IBGE, 2019). Entretanto, devido a escassez de estudos no Bioma Pampa, há poucos dados sobre a biodiversidade fúngica e suas aplicações biotecnológicas.

As características biológicas de um solo são decorrentes de alterações específicas de cada ambiente, o que acontece durante curtos, médios e longos períodos de tempo. Isso é observado através de perturbações agrícolas ou naturais, as quais alteram a cobertura vegetal do solo e perturbam a fauna e os microrganismos da região (GONGALSKY et al., 2016).

Ademais, a falta de cobertura vegetal, em concomitância com a degradação do solo nesse Bioma afetam o desenvolvimento das comunidades macro e microbianas, isso porque alteram a disponibilidade de nutrientes para a alimentação, além de modificarem a temperatura e a umidade do solo. Esse processo resulta em uma seleção de espécies resistentes à ambientes com baixa disponibilidade de nutrientes e reduzem a aeração do solo, constituindo áreas arenosas que acabam por possuir uma biomassa microbiana reduzida (GRANADA et al., 2019).

Os solos do Bioma Pampa são explorados em larga escala para atividades agrícolas lucrativas, o que ameaça as suas áreas nativas (OLIVEIRA et al., 2017). Desse modo, o desmatamento, o qual converte áreas nativas em áreas de pastagem, resulta na mudança estrutural da microbiota do ambiente devido a modificações da matéria-orgânica e do pH do solo (CHERNOV et al., 2021). As áreas nativas possuem uma microbiota natural do Bioma, enquanto que áreas de pastagem tendem a possuir uma homogeneização biótica, ou seja, acabam por possuir menor diversidade fúngica (CERQUEIRA et al., 2018) e áreas com cultivo em larga escala de árvores de eucalipto no Bioma Pampa impactam diretamente na microbiota do solo, pois aumenta os estoques de carbono, além da biomassa e atividade microbiana (MORAIS et al., 2021). Estudos como o de Xue et al. (2022) mostraram que os diferentes usos do solo, com enfoque no reflorestamento em contrapartida a solos nativos, podem resultar em mudanças significativas dos nutrientes do solo, o que pode afetar a diversidade fúngica dessas regiões.

As comunidades microbianas são consideradas excelentes indicadoras de mudanças ambientais, pois possuem potencial métrico referente à saúde do solo, ou seja, acabam servindo como indicador da saúde biológica do microbioma (WILHELM et al., 2022). Ademais, fungos extraídos do Bioma Pampa apresentam potenciais características bioherbicidas, o que contribui para a produção agrícola sem a utilização de herbicidas tóxicos ao meio ambiente (SOUZA et al., 2017). Além disso, fungos, comumente, causam deficiências no desenvolvimento agrícola, resultado de contaminações e redução na taxa de crescimento das plantas (PANG et al., 2021).

Frente ao exposto, o objetivo deste estudo foi realizar a comparação da diversidade fúngica em diferentes áreas de utilização do solo do Bioma Pampa presente no território sul-rio-grandense.

MATERIAL E MÉTODOS

Local e realização da coleta

As coletas do solo foram realizadas em Pantano Grande, no Rio Grande do Sul, situado no Bioma Pampa. O solo da região analisada é do tipo argissolo vermelho-amarelo distrófico úmbrico, caracterizados por serem mal drenados. São solos encontrados em áreas de várzea e são altamente saturados de bases (STRECK et al., 2008). As áreas de amostragem são próximas, sendo caracterizadas pelo mesmo tipo de solo. As coletas ocorreram em locais de diferentes usos: solo de pastagem, solo de área nativa e solo de áreas com plantação em larga escala de eucalipto (silvicultura). Em cada área, três pontos de coleta foram definidos (Figura 1). Com isso, triplicatas foram amostradas, fazendo-se o uso de um trado modificado. As amostras foram extraídas a uma distância de 10 metros entre os pontos de coleta, com profundidade de cerca de 5 centímetros e diâmetro de 10 cm. Após isso, as amostras de solos foram armazenadas em recipiente estéril, embaladas em sacos herméticos tipo Stomacher e acondicionadas em local com isolamento térmico.

No Laboratório de Microbiologia, as amostras foram armazenadas a uma temperatura de 2 a 4 °C e antes que os solos fossem analisados, foram pré-incubados a temperatura ambiente por 48 horas, com o objetivo de reestabelecer o equilíbrio das atividades microbianas.

Tabela 1. Principais características físico-químicas do solo em áreas com vegetação nativa, com pastagem e com eucalipto no Bioma Pampa

Variáveis	Eucalipto	Nativa	Pastagem
Umidade (%)	14,30	17,85	15,36
pH	5,52	5,59	6,97
Silte (%)	9,45	8,95	11,02
Argila (%)	32,47	24,34	27,11
Areia (%)	58,07	67,24	61,87
Nitrogênio (g/Kg)	11,29	14,29	13,03

Análises microbiológicas

Para o isolamento dos fungos, foi utilizada a técnica da diluição decimal, pois permite quantificar e isolar os microrganismos em amostras em concentrações muito elevadas. Na primeira diluição, 10 g de solo foram homogeneizadas em 90 mL de água peptonada. Foram realizadas sucessivas diluições. Em seguida, as amostras foram plaqueadas (0,1 mL) em ágar batata dextrose acidificado (PDA- Oxoid). Assim, as placas foram incubadas a 25 °C, durante cinco dias.

Para a identificação dos fungos foi feito o reisolamento por meio da prática do esgotamento por estrias. Após, as placas de PDA foram incubadas a 25 °C, durante 5 dias. Para o armazenamento, os fungos isolados foram mantidos em tubos de ensaio inclinados/placas de Petri contendo ágar PDA, mantidos a uma temperatura de 4 °C.

Por fim, a identificação dos fungos foi baseada nas características morfológicas das amostras. Observou-se a superfície, o diâmetro, a cor/formato dos conídios, a textura, os conidióforos e as células conidiogênicas (PITT; HOCKING, 2009).

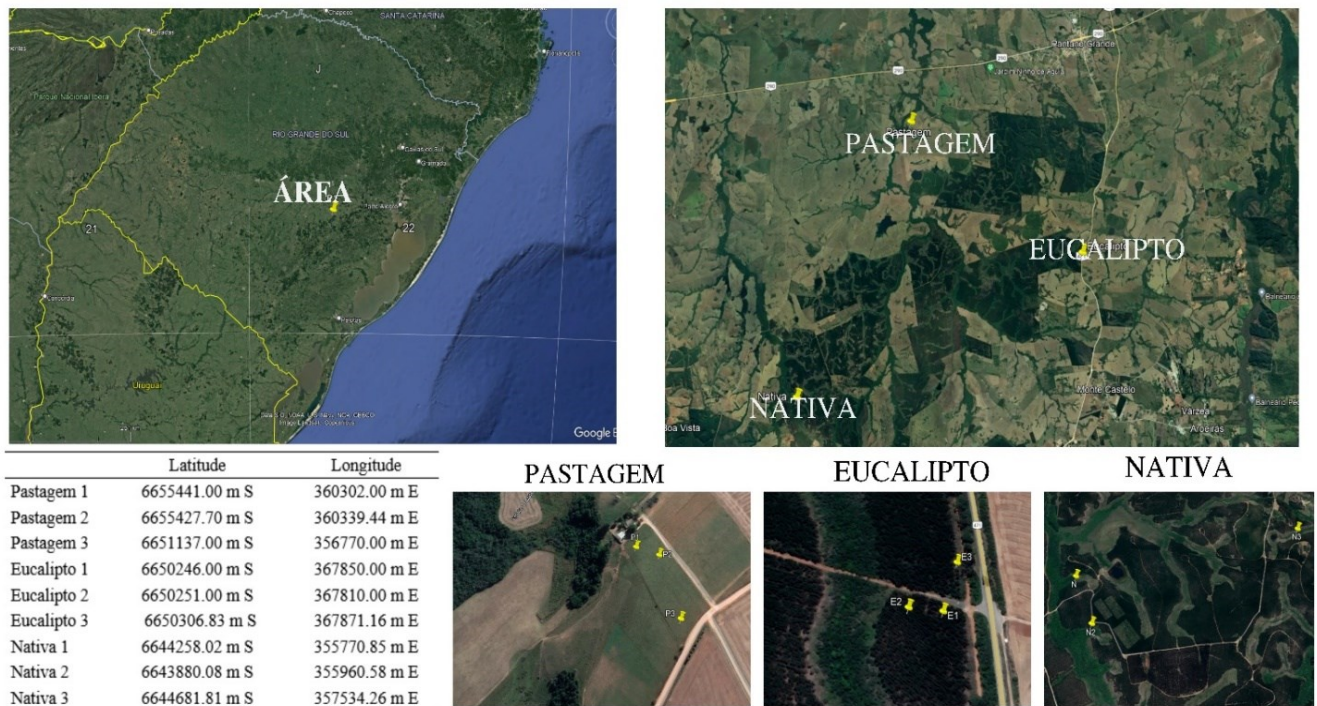


Figura 1. Mapa e coordenadas geográficas dos pontos de coleta das amostras de solos de diferentes usos do Bioma Pampa. Fonte: Adaptado de Google Earth.

Análises dos dados

Esforço amostral e diversidade de fungos

Para a análise dos dados, foi avaliado se a amostragem de fungos em solos de diferentes usos (área nativa, pastagens e eucalipto) era suficiente para capturar a mais ampla diversidade taxonômica desses organismos presentes no Bioma Pampa. Desse modo, foram geradas curvas de rarefação para cada área citada acima contendo suas respectivas interpolação e extrapolação com valores de diversidades ($q = 0$) estimados por Chao (CHAO et al., 2014). A função *iNEXT* do pacote homônimo foi empregada e os resultados plotados usando a função *ggiNEXT* (HSIEH et al., 2018). Ademais, a riqueza esperada de fungos foi estimada com a equação de Chao (CHAO et al., 2014) que pondera a quantidade de indivíduos observada em uma única amostragem para calcular a quantidade de táxons não observados.

Além disso, a diversidade geral de fungos em cada uma das três áreas foi avaliada por meio do perfil de diversidade seguindo a ordem de diversidade da série de Hill (HILL, 1973). A qual compara a diversidade de fungos simultaneamente em cada comunidade (CHAO et al., 2014). Em outras palavras, mostra se uma dada comunidade fúngica presente em uma das três áreas (vegetação nativa, eucalipto ou pastagem) é mais ou menos diversa que outra ao longo do eixo - x, o qual exibe a escala de parâmetros da ordem de diversidade de Hill (HILL, 1973).

Por fim, a presença de táxons únicos e/ou seu compartilhamento entre as três comunidades estudadas (nativa, eucalipto, pastagem) foi explorada por meio do diagrama de Venn. Essa representação é útil pois é possível observar o grau de compartilhamento entre todas ou entre pares de comunidades dentro das intersecções geradas. Esse diagrama foi feito usando a função *draw.triple.venn* do pacote 'VennDiagram' (CHEN, 2018).

Comparação da comunidade de fungos entre as áreas amostradas

As comunidades de fungos em áreas com vegetação nativa, eucalipto ou pastagem foram comparadas estatisticamente usando três abordagens distintas: (i) análise de variância com permutações, i.e. *permanova*, para avaliar se a composição da comunidade de fungos de uma área é diferente de outra, (ii) homogeneidade multivariada das dispersões dos grupos para comparar se a variância dentro de uma dada comunidade difere das outras e (iii) porcentagem de similaridade para identificar táxons de fungos contribuindo para discriminar as áreas estudadas.

Dado que a *permanova* é sensível à dispersão dos dados, foi conduzida a análise de homogeneidade multivariada das dispersões dos grupos (das três áreas de uso do solo) a qual calcula a distância média dos membros de cada grupo à centroide do mesmo. Essa análise foi feita usando a função *betadisper* do pacote 'vegan'. Sucintamente, enquanto a *permanova* detecta mudanças na composição de fungos entre cada uma das áreas (nativa, eucalipto, pastagem), variância estima a homogeneidade de dispersão dentro de cada grupo de um modo análogo ao teste de Levene para homogeneidade de variâncias.

A contribuição individual média dos táxons de fungos ajudando a discriminar as diferentes comunidades foi calculada por meio da análise de porcentagem usando a matriz de dados padronizados na função *simper* do pacote 'vegan'. Desse modo, os táxons mais importantes contribuíram com, pelo menos, 70% da diferença entre pares das áreas exibidas. A dissimilaridade média entre cada comunidade também foi representada.

Todas as análises estatísticas foram feitas em linguagem de programação R (IHAKA; GENTLEMAN, 1996; R CORE TEAM, 2018).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Diversidade de fungos e esforço amostral

Em geral, foram isolados 265 indivíduos (Tabela 2) classificados em nove táxons: *Aspergillus* sp. (n = 116), *Aspergillus niger* (n = 77), *Trichoderma* sp. (n = 30), *Fusarium* sp. (n = 28), *Penicillium* sp. (n = 5), *Isaria* sp. (n = 4), *Geotrichum* sp. (n = 2), *Scedosporium* sp. (n = 2), *Verticillium* sp. (n = 1). A riqueza global observada foi de nove táxons, enquanto a riqueza esperada foi de $9,23 \pm 0,69$. Portanto, pode-se inferir que o esforço amostral, de uma forma geral, foi suficientemente realizado.

A abundância geral dos fungos neste bioma é notável. Porém deve-se destacar os fungos que se sobressaíram em cada região amostrada, analisando as diversidades decorrentes dos diferentes tipos de uso do solo. Isso porque o fungo *Aspergillus* sp. demonstrou 51 e 54 indivíduos nas áreas nativas e de pastagem, respectivamente, enquanto nas áreas de plantação de eucalipto, apenas 11 indivíduos foram identificados, o que representa uma quantidade aproximadamente 5 vezes menor do que nas áreas nativa e de pastagem. Ademais, o fungo do gênero *Fusarium* sp. apresentou 18 indivíduos nas áreas de pastagem, em contrapartida áreas de plantação de eucalipto e vegetação nativa apresentaram apenas seis e quatro indivíduos, na devida ordem.

Vale ressaltar as áreas que apresentaram fungos em pequena quantidade, enquanto em outras áreas nem mesmo fora encontrado, como a presença de um indivíduo de *Geotrichum* sp. nas áreas de vegetação nativa e de pastagem, ao mesmo tempo que áreas de plantação de eucalipto não apresentaram esse táxon. O estudo de McGee et al. (2019), que comparou a riqueza fúngica de solos de cultivo agrícola e de vegetação primária, demonstrou que o solo com floresta primária possui alto percentual do gênero *Geotrichum* sp.

Outro fungo foi o *Scedosporium* sp., encontrado apenas no solo das áreas com vegetação nativa e com plantações de eucalipto. De acordo com Mouhajir et al. (2020), *Scedosporium* sp. é um fungo filamentosos distribuído em todo o mundo, em uma ampla variedade de ambientes, principalmente substratos ricos em nutrientes, como é o caso de solos agrícolas. Esse fungo está associado a áreas de influência antrópica e as espécies de *Scedosporium* são utilizadas como indicadores de poluição ambiental. Neste estudo, mesmo a área de solo com vegetação nativa encontra-se em ambiente bastante antropizado. As áreas com vegetação

nativa formam pequenos nichos em meio a diferentes áreas de cultivo agrícola na região estudada.

Aspergillus sp. e *Aspergillus niger* foram os fungos mais predominantes nos solos do Bioma Pampa, representando 72,83% dos indivíduos isolados. *Aspergillus* sp. é um grupo caracterizado pela produção de aflatoxina e micotoxina, presente em produtos agrícolas que causa danos severos quando ingeridos constantemente (BBOSA et al., 2013), porém estudos apresentaram resultados potenciais para a utilização de *Aspergillus niger* como inoculantes em culturas de café (ARAÚJO et al., 2020). Além disso, o gênero *Trichoderma* sp., também encontrado em grandes quantidades (11,32% dos indivíduos isolados) nos solos amostrados, possui ações contra patógenos de culturas agrícola (MOTLAGH; ABOLGHASEMI, 2021). Os indivíduos do gênero *Fusarium* sp., terceiro táxon mais frequente nas áreas amostradas, possuem a capacidade de degradar resíduos agrícolas, além de serem um potencial auxiliador no processo de produção de bioetanol (ROSA-GARZON et al., 2019). Na mesma medida, *Penicillium* sp., o qual apresentou apenas 5 indivíduos em sua totalidade, é o principal componente para a elaboração da penicilina. Na área agrícola, auxilia na obtenção de pectinilipase por meio da degradação de resíduos agrícolas (ATALLA et al., 2019).

Mesmo representando apenas 3,4% dos fungos isolados, os quatro táxons menos encontrados também possuem características importantes. Dentre eles, *Isaria* sp. é um gênero de fungo entomopatogênico com potencial agente terapêutico de tireoidite autoimune, apesar de ser pouco encontrado no presente estudo (YANG et al., 2021). Ademais, o táxon *Geotrichum* sp., com apenas dois exemplares obtidos, consegue bioabsorver o chumbo, o que pode ser utilizado para o tratamento de água contaminada e reduzir os impactos do ambiente agrícola (MENG et al., 2020). Em adição, o fungo *Scedosporium* sp., pode causar inúmeras infecções fúngicas em locais variados do corpo humano, como ossos e articulações (BOUCHARA; PAPON, 2019). *Verticillium* sp., pode reduzir a taxa de crescimento das plantas, resultando em reduções no desenvolvimento das plantas utilizadas para a agricultura (PANG et al., 2021).

Quando se observa as curvas de rarefação por área (Figura 2) pode-se inferir que enquanto a riqueza de fungos em áreas de eucalipto e pastagem tenderam a estabilizar com a quantidade de fungos amostrados, o mesmo não ocorre em áreas de vegetação nativa (Figura 2A). Isso sugere que, caso seja feito um esforço amostral um pouco maior para coletar mais indivíduos, a riqueza poderá ter um aumento (Figura 2A), isso tende a ocorrer pois ambientes que não possuem muita interferência humana podem, hipoteticamente, se adaptar mais facilmente ao ambiente em questão devido a sua homogeneidade. A riqueza de fungos em áreas com eucalipto foi menor em relação às outras áreas analisadas e ela foi alcançada mais rapidamente (com menos indivíduos amostrados) do que em outras áreas com vegetação nativa e pastagem. Para Xue et al. (2022), a diminuição da abundância fúngica em área de solo destinada ao cultivo de eucalipto possivelmente ocorre devido as diferenças de pH e ao acúmulo de nitrato de amônio (NO₃) decorrentes do cultivo de apenas uma espécie de planta, entretanto, mudanças na diversidade

Tabela 2. Quantidade total de fungos nas amostras de solo provenientes dos solos do Bioma Pampa de diferentes usos: eucalipto, vegetação nativa e pastagem

Fungos	Eucalipto	Nativa	Pastagem	Total
<i>Aspergillus niger</i>	25	16	36	77
<i>Aspergillus</i> sp.	11	51	54	116
<i>Trichoderma</i> sp.	9	4	17	30
<i>Fusarium</i> sp.	4	6	18	28
<i>Scedosporium</i> sp.	1	1	0	2
<i>Isaria</i> sp.	1	0	3	4
<i>Penicillium</i> sp.	0	1	4	5
<i>Geotrichum</i> sp.	0	1	1	2
<i>Verticillium</i> sp.	0	0	1	1

fúngica, decorrentes de diferentes usos de solo, tendem a ser pouco significativas, porém as trocas nas condições dos nutrientes do solo resultam em modificações nas quantidades dos fungos encontrados. Neste estudo, em contrapartida, o solo com plantação de Eucalipto demonstrou um pH similar ao solo com vegetação nativa e inferior ao solo da área com pastagem, demonstrando não ter relação com a diminuição da abundância fúngica (Tabela 1).

Na escala de diversidade de Hill, utilizada para analisar a biodiversidade das áreas estudadas (Figura 1B), valores mais à esquerda do gráfico são mais sensíveis à presença de táxons mais raros, enquanto valores mais à direita do gráfico são mais sensíveis à presença de táxons mais abundantes (TÓTHMÉRÉSZ, 1995). Quando uma comunidade está acima de todas ao longo dessa escala, isso indica que é a comunidade mais amplamente diversa que quaisquer outra em relação (TÓTHMÉRÉSZ, 1995).

Em relação ao perfil de diversidade fúngica dos diferentes tipos de uso do solo do Bioma Pampa analisados, áreas de pastagem são mais diversas, apresentando oito táxons diferentes, enquanto áreas nativas apresentaram sete táxons isolados e as áreas com eucalipto apresentaram apenas seis táxons (Figura 1B). Interessantemente, áreas com vegetação nativa são mais ricas em táxons de fungos do que áreas com eucalipto. Porém, ao longo da escala de parâmetros da série de Hill, estas últimas passam a ser as mais diversas sugerindo que à medida que a quantidade de indivíduos analisados é reduzida para a avaliação, áreas com eucalipto tendem a apresentar maior diversidade em fungos que áreas com vegetação nativa (Figura 1B). Isso pode ser resultado do aumento nos estoques de carbono e nitrogênio devido ao cultivo de eucalipto em comparação com as áreas nativas, porém a redução das concentrações de nitrogênio dos cultivos de eucalipto em relação às áreas de pastagem (MORAIS et al., 2021) podem resultar nas diferenças de riqueza microbiana do solo.

Em geral, as três áreas estudadas compartilharam quatro táxons de fungos (*Aspergillus niger*, *Aspergillus* sp., *Trichoderma* sp. e *Fusarium* sp.) conforme mostra a Tabela 2 e o diagrama de Venn na Figura 2B. Por outro lado, somente a área de pastagem apresentou um único táxon exclusivo (*Verticillium* sp., Tabela 2), essa exclusividade pode ser decorrente de um solo mais argiloso e pesado devido a utilização para a pastagem o que aumenta a taxa de ocorrência de determinado fungo (LAND et al., 2017). No presente estudo, os solos das áreas com cultivos (pastagem e Eucalipto) apresentaram porcentagem de argila ligeiramente maior que o solo com vegetação nativa (Tabela 1).

A Figura 2A sugere que a riqueza de fungos em áreas com vegetação contendo eucalipto é alcançada mais rapidamente com menos indivíduos coletados, enquanto o mesmo demora um pouco mais para pastagem. Por outro lado, a comunidade de fungos em áreas com vegetação nativa pode estar sub-representada visto que há uma tendência de aumento, com base no gráfico apresentado. A Figura 1B, o eixo-x exibe as mudanças nas medidas de diversidade sobre a série de Hill, enquanto o eixo-y mostra a diversidade para cada uma das comunidades. A Figura 2B indica que áreas com pastagem são mais diversas em quaisquer índices de diversidade que às com vegetação nativa ou com eucalipto. O eucalipto apresenta uma riqueza maior de fungos em relação a vegetação nativa. Porém, esta última cai em outras medidas de diversidade, especialmente quando a abundância começa a ser mais relevante (em direção ao lado direito no eixo-x). Utilizando-se a análise estatística para os outros índices de diversidade é possível inferir: 0 = riqueza; 1 = Shannon-Wiener; 2 = Simpson; inf = Berger-Parker. O diagrama interno (de Venn) mostra que as três comunidades compartilharam quatro táxons em comum, enquanto somente pastagem teve um táxon exclusivo.

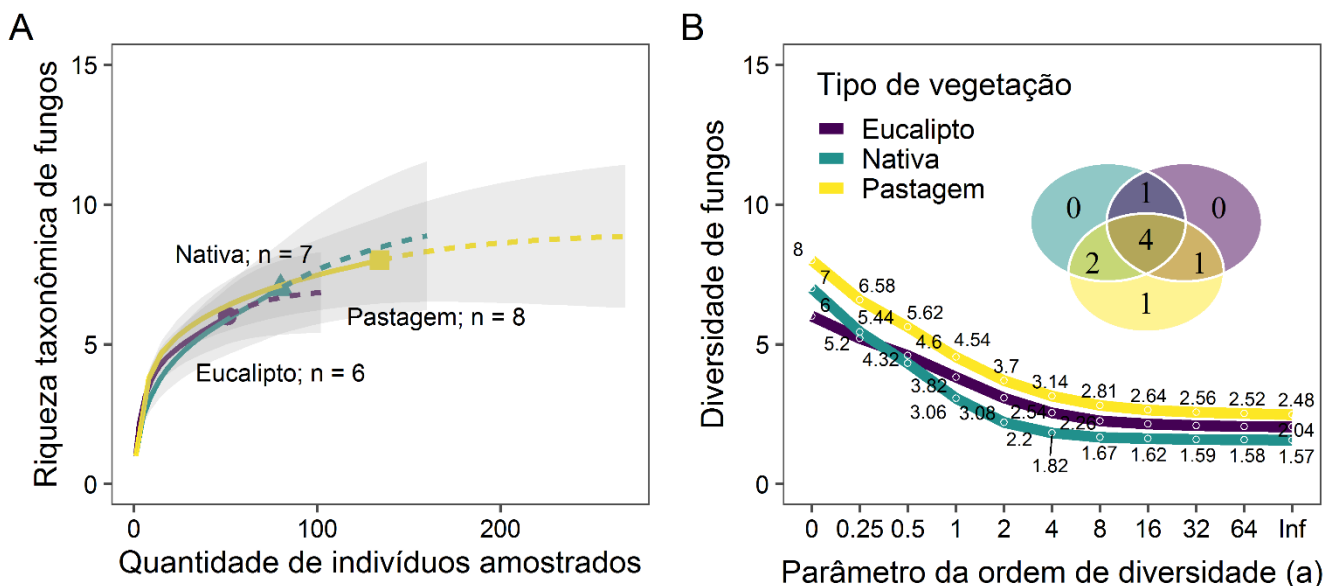


Figura 2. Curvas de rarefação de riqueza observada e riqueza, esperada, ou extrapolada de fungos nas áreas de diferentes usos do solo e Perfil de diversidade da série de Hill frente aos fungos e diferentes usos do solo. **Figura 2A.** Curvas de rarefação mostrando a riqueza observada (linhas sólidas) e riqueza esperada, ou extrapolada (linhas tracejadas), de fungos em três áreas de diferentes usos do solo. **Figura 2B.** Perfil de diversidade da série de Hill frente aos fungos e diferentes usos do solo.

Similaridade de fungos entre áreas com vegetação nativa, com pastagem e com eucalipto

De acordo com a permanova é possível afirmar que todas as comunidades de fungos nas três áreas amostradas (nativa, eucalipto, pastagem) são estatisticamente semelhantes entre si ($F_{(2,15)} = 0,51$, valor de $p > 0,05$, Tabela 2). Por outro lado, a análise de dispersão foi significativamente diferente ($F_{(2,15)} = 4,65$, valor de $p = 0,02$).

Isso sugere que enquanto a composição fúngica é muito parecida entre cada uma das áreas estudadas, suas variâncias são distintas uma da outra particularmente entre as áreas contendo eucalipto contra áreas com vegetação nativa ou pastagem (Figura 3A-B). Portanto, essas comunidades parecem ser mais influenciadas pela diferença (alta variação) na composição de fungos dentro delas do que entre elas.

Os táxons de fungos que melhor contribuíram para diferenciar cada uma das áreas foram: eucalipto vs. nativa (*Aspergillus niger*, 0.27; *Aspergillus* sp., 0.26; *Fusarium* sp., 0.18), eucalipto vs. pastagem (*Aspergillus* sp., 0.22; *Aspergillus niger*, 0.22; *Fusarium* sp., 0.18; *Trichoderma* sp., 0.17) e nativa vs. pastagem (*Fusarium* sp., 0.19; *Aspergillus niger*, 0.19; *Trichoderma* sp., 0.19; *Aspergillus* sp., 0.17). A dissimilaridade geral entre os pares de comunidades foi abaixo de 50%: eucalipto vs. nativa (42%), eucalipto vs. pastagem (43%) e nativa vs. pastagem (33%). Dessa forma é possível dizer que, de um modo geral, a similaridade dos fungos encontrados nos solos das áreas com diferentes coberturas é maior que 50%, sendo que apenas alguns táxons diferiram. Isso pode estar relacionado ao fato de o solo das três áreas analisadas terem a mesma composição, por serem próximos entre si.

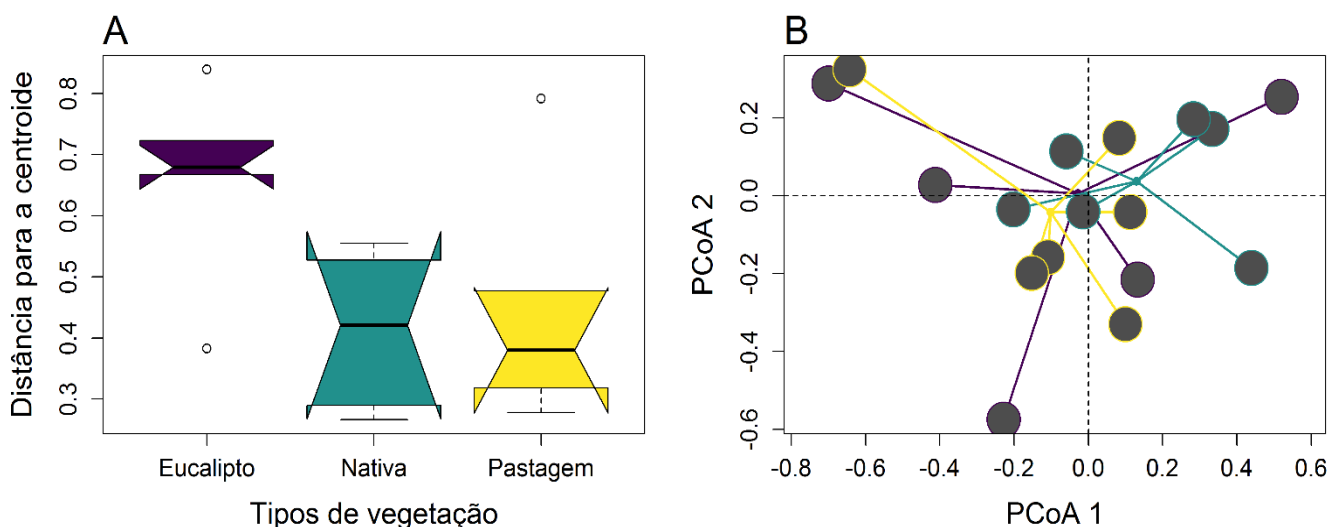


Figura 3. Homogeneidade multivariada da variância entre grupos de acordo com a distância para centróide de cada grupo analisado e composição da comunidade de fungos entre áreas com vegetação nativa, com pastagem e com eucalipto no Bioma Pampa onde os pontos se referem às amostras. Análise de dispersão. **Figura 3A.** Homogeneidade multivariada da variância entre grupos de acordo com a distância para centróide de cada grupo (áreas) analisado (valor $p = 0,02$). *Boxplots*: caixas indicam 1º e 3º quartis, *whiskers* (bigodes) exibem o alcance máximo e mínimo da variação, linha preta central mostra a mediana (2º quartil), *notches* representam o intervalo de confiança a 95% ao redor da mediana, pontos mostram *outliers*. **Figura 3B.** Composição da comunidade de fungos onde os pontos se referem às amostras. Análise de dispersão.

CONCLUSÃO

O solo do Bioma Pampa das áreas nativas, de silvicultura e de pastagem possuem uma similaridade fúngica, pois compartilham quatro táxons entre si. O solo das áreas que são utilizadas para pastagem apresenta maior diversidade fúngica. Porém, a riqueza fúngica entre os diferentes tipos de uso do solo não apresenta diferença. Dessa forma, estudos são necessários para compreender a comunidade fúngica no Bioma Pampa, incluindo locais de cultivo agrícola, bem como a relação dessa comunidade com as características físico-químicas do solo.

REFERÊNCIAS

ARAÚJO, V. C.; ROSSATI, K. F.; XAVIER, L. V.; OLIVEIRA, V. A. de; CARMO, G. J. dos S.; ASSIS, G. A. de; MENDES, G. de O. Enhanced growth in nursery of coffee seedlings inoculated with the rhizosphere fungus *Aspergillus*

niger for field transplantation. *Rhizosphere*, 15(1): 1-4, 2020. [10.1016/j.rhisph.2020.100236](https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2020.100236).

ATALLA, S. M. M.; EL GAMAL, N. G.; AWAD, H. M.; ALI, N. F. Production of pectin lyase from agricultural wastes by isolated marine *Penicillium expansum* RSW_SEP1 as dye wool fiber. *Heliyon*, 5(8): 1-6, 2019. [10.1016/j.heliyon.2019.e02302](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2019.e02302).

BBOSA, G. S.; KITTYA, D.; LUBEGA, A. OGWAL-OKENG, J.; ANOKBONGGO, W. W.; KYEGOMBE, D. B. Review of the Biological and Health Effects of Aflatoxins on Body Organs and Body Systems. In: RAZZAGHI-ABYANEH, M. Aflatoxins - Recent Advances and Future Prospects. Londres: InTechOpen, 2013. 408p.

BOLDRINI, I. L. Bioma Pampa: Diversidade florística e fisionômica. Porto Alegre: Pallotti, 2010. 61p.

- BOUCHARA, J.; PAPON, N. *Scedosporium apiospermum*: Microbe of the month. Trends in microbiology, 27(12):1045-1046, 2019. [10.1016/j.tim.2019.07.003](https://doi.org/10.1016/j.tim.2019.07.003).
- CERQUEIRA, A. E. S.; SILVA, T. H.; NUNES, A. C. S.; NUNES, D. D.; LOBATO, L. C.; VELOSO, T. G. R.; PAULA, S. O. de.; KASUYA, M. C. M.; SILVA, C. C. Amazon basin pasture soils reveal susceptibility to phytopathogens and lower fungal community dissimilarity than forest. Applied soil ecology, 131(1):1-11, 2018. [10.1016/j.apsoil.2018.07.004](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2018.07.004).
- CHAO, A.; GOTELLI, N. J.; HSIEH, T. C.; SANDER, E. L.; MA, K. H.; COLWELL, R. K.; ELLISON, A. M. Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. Ecological monographs, 84(1): 45-67, 2014. [10.1890/13-0133.1](https://doi.org/10.1890/13-0133.1).
- CHEN, H. VennDiagram: generate high-resolution Venn and Euler plots. 2018.
- CHERNOV, T. I.; ZHELEZOVA, A. D.; TKHAKAKHOVA, A. K.; KSENOFONTOVA, N. A.; ZVEREV, A. O.; TIUNOV, A. V. Soil microbiome, organic matter content and microbial abundance in forest and forest-derived land cover in Cat Tien National Park (Vietnam). Applied soil ecology, 165(1):1-8, 2021. [10.1016/j.apsoil.2021.103957](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.103957).
- GONGALSKY, K. B.; ZAITSEV, A. S.; KOROBUSHKIN, D. I.; SAIFUTDINOV, R. A.; YAZRIKOVA, T. E.; BENEDIKTOVA, A. I.; GORBUNOVA, A. Yu. Diversity of the soil biota in burned areas of southern taiga forests (Tver oblast). Eurasian soil science, Pochvovedenie, 49(3):358-366, 2016.
- GRANADA, C. E.; VARGAS, L. K.; LISBOA, B. B.; GIONGO, A.; MARTINHO, C. T.; PEREIRA, L. de M.; OLIVEIRA, R. R. de.; BRUXEL, F.; FREITAS, E. M. de.; PASSAGLIA, L. M. P. Bacterial and Archaeal Communities Change With Intensity of Vegetation Coverage in Arenized Soils From the Pampa Biome. Frontiers in microbiology, 10(1): 1-10, 22 mar. 2019. [10.3389/fmicb.2019.00497](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00497)
- HERVÉ, M. RVAideMemoire: Diverse basic statistical and graphical functions. 2015. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/RVAideMemoire/index.html>
- HILL, M. O. Diversity and Evenness: A Unifying Notation and Its Consequences. Wiley, 54(2):427-432, 1973. [10.2307/1934352](https://doi.org/10.2307/1934352).
- HSIEH, T. C.; MA, K. H.; CHAO, A. INEXT: An R package for rarefaction and extrapolation of species diversity (Hill numbers). In: Methods in ecology and evolution. 7(12):1451-1456, 2016.
- IHAKA, R.; GENTLEMAN, R. R. A Language for Data Analysis and Graphics. Journal of Computational and Graphical Statistics, 5(3):299-314, 1996.
- IBGE, Instituto brasileiro de geografia e estatística. Biomas e sistema costeiro-marinho do brasil: compatível com a escala 1:250 000. Rio de Janeiro: IBGE, 45, 2019. 164p.
- LAND, C. J.; LAWRENCE, K. S.; BURMESTER, C. H.; MEYER, B. Cultivar, irrigation, and soil contribution to the enhancement of Verticillium wilt disease in cotton. Crop Protection, 96(1):1-6, 2017. [10.1016/j.cropro.2017.01.002](https://doi.org/10.1016/j.cropro.2017.01.002).
- MCGEE, K. M.; EATON, W. D.; PORTER, T. M.; SHOKRALLA, S.; HAJIBABAEI, M. Soil microbiomes associated with two dominant Costa Rican tree species, and implications for remediation: A case study from a Costa Rican conservation area. Applied Soil Ecology, 137, 139-153, 2019. [10.1016/j.apsoil.2019.02.007](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.02.007).
- MENG, L. LI, Z.; LIU, L.; CHEN, X.; WU, J.; LI, W.; ZHANG, X.; DONG, M. Lead removal from water by a newly isolated *Geotrichum candidum* LG-8 from Tibet kefir milk and its mechanism. Chemosphere, 259(1):283-290, 2020. [10.1016/j.chemosphere.2020.127507](https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.127507).
- MOUHAJIR, A.; POIRIER, W.; ANGEBAULT, C.; RAHAL, E.; BOUABID, R.; BOUGNOUX, M.-E.; KOBI, A.; ZOUHAIR, R.; BOUCHARA, J.; GIRAUD, S. *Scedosporium* species in soils from various biomes in Northwestern Morocco. Plos One, 15(2), 2020. [10.1371/journal.pone.0228897](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228897).
- MORAIS, J. R. de.; CASTILHOS, R. M. V.; LACERDA, C. L.; PINTO, F. S.; CARLOS, F. S. Carbon and nitrogen stocks and microbiological attributes of soil under eucalyptus cultivation in the Pampa biome of southern Brazil. Geoderma regional, 25(1):1-11 2021. [10.1016/j.geodrs.2021.e00392](https://doi.org/10.1016/j.geodrs.2021.e00392).
- MOTLAGH, M. R. S.; ABOLGHASEMI, M. The effect of Trichoderma spp. isolates on some morphological traits of canola inoculated with Sclerotinia sclerotiorum and evaluation of their efficacy in biological control of pathogen. Journal of the Saudi society of agricultural sciences, 21(4):217-231, 2021. [10.1016/j.jssas.2021.08.004](https://doi.org/10.1016/j.jssas.2021.08.004)
- OKSANEN, J.; SIMPSON, G. L.; BLANCHET, F. G.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MINCHIN, P. R.; O'HARA, R. B.; SOLYMOS, P.; STEVENS, M. H. H.; SZOECs, E.; WAGNER, H.; BARBOUR, M.; BEDWARD, M.; BOLKER, B.; BORCARD, D.; CARVALHO, G.; CHIRICO, M.; CACERES, M. de.; DURAND, S.; EVANGELISTA, H. B. A.; FITZJOHN, R.; FRIENDLY, M.; FURNEAUX, B.; HANNIGAN, G.; HILL, M. O.; LAHTI, L.; MCGLINN, D.; OUELLETTE, M.-H.; CUNHA, E. R.; SMITH, T.; STIER, A.; BRAAK, C. J. F. T.; WEEDON, J. Vegan: community ecology package. 2(1):1-2, 2015. Disponível em: <https://github.com/vegandevs/vegan>
- OLIVEIRA, T. E. de.; FREITAS, D. S. de.; GIANEZINI, M.; RUVIARO, C. F.; ZAGO, D.; MÉRCIO, T. Z.; DIAS, E. A.; LAMPERT, V. do N.; BARCELLOS, J. O. J. Agricultural land use change in the Brazilian pampa biome: the reduction of natural grasslands. Land use policy, 63(1):394-400, 2017. [10.1016/j.landusepol.2017.02.010](https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2017.02.010).
- PANG, Y.-Z.; WANG, Z.-H.; GUO, S.-S.; ZHANG, S.-S.; ZHENG, L.-W.; ZHANG, J.-Z.; GUO, D.-P. *Verticillium dahliae* reduces plant growth, constitutively induces antioxidant metabolism and gene expression in eggplant (*Solanum melongena* L.). Physiological and molecular plant pathology, 114(1):1-10, 2021. [10.1016/j.pmpp.2021.101641](https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2021.101641).

ROSA-GARZON, N. G. da.; LAURE, H. J.; ROSA, J. C.; CABRAL, H. *Fusarium oxysporum* cultured with complex nitrogen sources can degrade agricultural residues: Evidence from analysis of secreted enzymes and intracellular proteome. *Renewable energy*, 133(1):941-950, 2018. [10.1016/j.renene.2018.10.100](https://doi.org/10.1016/j.renene.2018.10.100).

SOUZA, A. R. C. de.; BALDONI, D. B.; LIMA, J.; PORTO, V.; MARCUZ, C.; MACHADO, C.; FERRAZ, R. C.; KUHN, R. C.; JACQUES, R. J. S.; GUEDES, J. V. C.; MAZUTTI, M. A. Selection, isolation, and identification of fungi for bioherbicide production. *Brazilian journal of microbiology*, 48(1):101-108, 2017. [10.1016/j.bjm.2016.09.004](https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.09.004).

PITT, J. I.; HOCKING, A. D. *Fungi and food spoilage*. 3. ed. Boston: Springer, 2009. 520 p.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. The R foundation for statistical computing. 287, 2018. <https://www.r-project.org/>.

STRECK, E.V.; KÄMPF, N.; DALMOLIN, R.S.D.; KLAMT, E., NASCIMENTO, P.C.; SCHNEIDER, P.; GIASSON, E.; PINTO, L.F.S. *Solos do Rio Grande do Sul*. 2.ed. Porto Alegre: EMATER-RS ASCAR, 2008.

TÓTHMÉRÉSZ, B. Comparison of different methods for diversity ordering. *Journal of vegetation science*, 6(2):283-290, 1995. [10.2307/3236223](https://doi.org/10.2307/3236223).

WILHELM, R. C.; ES, H. M. van.; BUCKLEY, D. H. Predicting measures of soil health using the microbiome and supervised machine learning. *Soil biology and biochemistry*, 164(1):1-12, 2022. [10.1016/j.soilbio.2021.108472](https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108472).

XUE, Y.; CHEN, J.; ZHAO, Y.; FENG, Q.; LI, C.; WEI, Y. Shift of soil fungal communities under afforestation in Nanliu River Basin, southwest China. *Management*, 302(1):1-11, 2022. [10.1016/j.jenvman.2021.114130](https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2021.114130).

YANG, X.; CHEN, L.; ZHAO, L.; YANG, Y.; WANK, J.; YAN, L.; TAI, G.; ZHANG, H. *Cordyceps sinensis*-derived fungus *Isaria felina* ameliorates experimental autoimmune thyroiditis in mice. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 140(1):1-7, 2021. [10.1016/j.biopha.2021.111733](https://doi.org/10.1016/j.biopha.2021.111733).