**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

Diversidade de fungos do solo da Mata Atlântica

Vívian Gonçalves Carvalho

Tese apresentada para obtenção do título de
Doutor em Ciências. Área de concentração:
Microbiologia Agrícola

**Piracicaba
2012**

Vívian Gonçalves Carvalho
Bacharel e Licenciada em Ciências Biológicas

Diversidade de fungos do solo da Mata Atlântica

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **MARCIO RODRIGUES LAMBAIS**

Tese apresentada para obtenção do título de
Doutor em Ciências. Área de concentração:
Microbiologia Agrícola

**Piracicaba
2012**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Carvalho, Vívian Gonçalves

Diversidade de fungos do solo da Mata Atlântica / Vívian Gonçalves Carvalho. - -
versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba,
2012.

203 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2012.

1. Biodiversidade 2. Fungos - Mata Atlântica 3. Filogenia 4. Matéria orgânica do
solo 5. Microbiologia do solo 6. Reação em cadeia por polimerase 7. Redes neurais
I. Título

CDD 631.46
C331d

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Dedico este trabalho aos meus pais, Célia e Afrânio , por me ajudarem a realizar meus sonhos, pelo apoio incessante aos meus estudos, pelo amor que sempre deram.

Aos meus irmãos, Ana Cláudia, Vinícius e Afrânio, pelo apoio, amor e por entenderem minha ausência.

Aos meus sobrinhos, Isabella, Felipe e Samira, minhas alegrias.

À vó Ana (in memorian), pelas orações, carinho, e força sempre.

*Vocês foram essenciais para que eu chegasse até aqui. **Amo vocês!***

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Marcio Rodrigues Lambais, pela orientação, incentivo e confiança ao longo desses quatro anos.

Ao programa de Microbiologia Agrícola e à Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ-USP) pela oportunidade de crescimento profissional e por fornecer estrutura para realização do trabalho.

À FAPESP pela bolsa concedida por três anos de curso e auxílio financeiro para desenvolvimento do projeto; ao CNPq, pela bolsa concedida durante nove meses e à CAPES, pela bolsa concedida nos meses iniciais do curso.

Ao Prof. Dr. Ari Jumpponen (Kansas State University- USA) pelo acolhimento no laboratório durante o doutorado sanduíche, pelos ensinamentos, pela amizade.

Ao colega Shawn Brown, pela co-orientação durante o doutorado sanduíche e pela amizade.

À amiga Cintya Souza, pela colaboração essencial no desenvolvimento do projeto, por realizar o método de cultivo e a identificação dos fungos.

Ao Prof. Dr. Ludwig Pfenning, pela orientação no método de lavagem de solo, pela participação no exame de qualificação, pela amizade e apoio.

Ao Prof. Dr. Fernando Andreote, pelas sugestões durante o exame de qualificação e pela ajuda nas análises multivariadas.

À Prof.^a Dr.^a Lara Durães Sette, pela participação no exame de qualificação e pelas valiosas sugestões.

À Prof.^a Dr.^a Siu Mui Tsai, pela oportunidade do estágio em ensino.

Aos funcionários Denise Mescolotti, Luis Fernando, Wladimir Rosignolo e Luiz Silva pela valiosa ajuda nos experimentos em laboratório; ao funcionário Dorival pela ajuda nas coletas de campo e à bibliotecária Silvia Zinsly, pela ajuda na formatação.

Aos colegas Armando Cavalcante e Josiane Lopes pela ajuda na execução do trabalho.

Aos grandes amigos do Laboratório de Microbiologia Molecular: Alice Cassetari, Ana Lo Buono, Joze Correa, Kelly Justin, Lucas Lopes, Rafael Valadares, Sandra Montenegro, Sílvia Barrera, Winston Franz Ruiz, Wladimir Rosignolo e em especial a Eder dos Santos, Adriano Lucheta, Elisa Matos, Gisele Nunes, Giselle

Fracetto, Rafael Armas, Maryeimy Varon e Winston Ruiz pelas valiosas ajudas nas análises, coletas e sugestões na escrita da tese.

Aos meus pais Célia e Afrânio, aos irmãos Ana Cláudia, Vinícius, e Afrânio, meus cunhados Robson Aguiar e Marta Carvalho e meus sobrinhos, por todo o amor, atenção, por terem sempre me apoiado e por se fazerem presentes em todos os momentos da minha vida.

Aos amigos da pós-graduação e de Piracicaba: Geraldo Junior, Yve Corrêa, Lígia Hansen, Carlos Ribeiro, Paulo Roger, Pablo Soares, Luciano França, Arlete Barneze, Daniel Lammel, Felipe Cury, Lucas Azevedo, Simone Braga, Emiliana Romagnoli, André Nakatani, Rafael Vasconcelos, Bruna Oliveira, André Mazzetto, Luiz Fernando, Mário Aguiar, Myllene Pinheiro, Nara Gustinelli, Marcelo Vaz. Em especial a Ricardo Rodrigues que foi muito importante durante a reta final, incentivando-me sempre a prosseguir.

Às minhas amigas-irmãs Elisa Matos, Layanne Souza e Fabiana Mingossi, pela amizade, carinho, conselhos, convívio, por serem minha família em Piracicaba. Sem vocês tudo seria mais difícil.

Aos amigos Sílvio Henrique, Maura Inforzato e Valdir Inforzato, Beatriz Rizzardo e Carlos Rizzardo, por terem se tornado uma família para mim durante parte dessa jornada.

Aos eternos amigos: Ana Paula Carvalho, Caroline Pereira, Daniëlle Fernandes e Marcos Fernandes, pela amizade, força e carinho de sempre.

Aos amigos que me acolheram em Manhattan: Lindsay Ratllif, Faiza Khalil, Sebastian Wendel, Hugo Remaury, Lorena Montano, Manoelita Warkentien, Patrícia Ramirez, Marina Warkentien, Gregory Bedros, Nicolas Silva, Davi Gasparini, Deisy Corredor, Juan Molina, Jaime Tobon, Martha Caldas, Lior Kamara, Gabriela Rattin, Celine Aperce e Victoria Elgina.

A todos os meus queridos familiares, amigos do mestrado e da graduação, por se fazerem presente mesmo à distância.

A todos que não foram mencionados, mas que contribuíram de alguma maneira para a realização deste trabalho. **Muito obrigada!**

EPÍGRAFE

*“Nada é suficientemente bom.
Então vamos fazer o que é certo,
dedicar o melhor de nossos esforços para atingir o inatingível,
desenvolver ao máximo os dons que Deus nos concedeu,
e nunca parar de aprender.”*

Ludwig Van Beethoven

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	13
1 INTRODUÇÃO	15
2 DESENVOLVIMENTO	17
2.1 Revisão Bibliográfica.....	17
2.1.1 A Mata Atlântica	17
2.1.2 Filogenia e taxonomia de fungos.....	19
2.1.3 Fungos do solo.....	23
2.1.4 Métodos de estudo da diversidade fúngica do solo.....	25
2.1.4.1 Métodos tradicionais	25
2.1.4.2 Métodos moleculares	27
2.1.5 Ecologia de fungos em solos florestais	31
2.2 Material e métodos.....	35
2.2.1 Áreas de estudo	35
2.2.2 Amostragem	39
2.2.3 Análises químicas	40
2.2.4 Fracionamento da Matéria Orgânica do Solo	40
2.2.5 Carbono e nitrogênio da biomassa microbiana do solo.....	41
2.2.5.1 Carbono da biomassa microbiana do solo	42
2.2.5.2 Nitrogênio da biomassa microbiana do solo.....	42
2.2.6 Processamento das amostras pelo método dependente de cultivo	43
2.2.6.1 Lavagem de solo e cultivo de partículas	43
2.2.6.2 Identificação e preservação dos isolados.....	44
2.2.6.3 Índices de Diversidade de espécies de fungos	45
2.2.7 Processamento das amostras através de métodos moleculares	45
2.2.7.1 Extração de DNA ambiental	45
2.2.7.2 Amplificação da região ITS do rRNA através de PCR.....	46
2.2.7.3 Separação dos amplicons das regiões ITS por DGGE	46
2.2.7.4 Pirosequenciamento.....	47
2.2.7.4.1 Amplificação por PCR para sequenciamento	47
2.2.7.4.2 Bioinformática e designação das unidades taxonômicas operacionais (UTOs)	49
2.2.7.4.3 Índices de Diversidade	49

2.2.7.4.4 Frequência de UTOs	49
2.2.7.4.5 Análises estatísticas	50
2.2.8 Análise dos dados pela rede neural	51
2.3 Resultados e discussão	53
2.3.1 Análise química do solo e fatores ambientais	53
2.3.2 Fracionamento da Matéria Orgânica do Solo	57
2.3.3 Processamento das amostras pelo método dependente de cultivo	59
2.3.3.1 Caracterização das espécies de fungos isoladas.....	59
2.3.3.2 Riqueza e diversidade de fungos	61
2.3.3.3 Caracterização das espécies mais frequentes	63
2.3.3.4 Análises multivariadas de correlação e correspondência canônica	68
2.3.4 Análise das amostras através de métodos moleculares	75
2.3.4.1 Extração de DNA.....	75
2.3.4.2 Amplificação da região ITS do rRNA através de PCR.....	75
2.3.4.3 Separação dos amplicons das regiões ITS por DGGE.	76
2.3.4.4 Pirosequenciamento.....	84
2.3.4.4.1 Caracterização das sequências	84
2.3.4.4.2 Riqueza e diversidade de UTOs de fungos	87
2.3.4.4.3 Comunidades de fungos no solo	88
2.3.5 Fatores determinantes na organização de comunidades fúngicas.....	101
3 CONCLUSÕES	111
REFERÊNCIAS.....	113

RESUMO

Diversidade de fungos do solo da Mata Atlântica

A Mata Atlântica é reconhecida como área de prioridade de conservação na América do Sul, devido ao grande número de espécies endêmicas e constantes ameaças à sua biodiversidade em decorrência da substituição da vegetação natural. Embora várias informações sobre a diversidade vegetal e animal estejam disponíveis, pouco se sabe sobre a diversidade de micro-organismos existentes no solo desse bioma. A diversidade de fungos do solo foi avaliada em três unidades de conservação da Mata Atlântica do estado de São Paulo: Parque Estadual de Carlos Botelho (PECB), Estação Ecológica de Assis (EEA) e Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC). Ao todo, foram analisadas 90 amostras de solo, coletadas em épocas de alta e baixa pluviosidade, e sob a copa de três espécies arbóreas: *Cabralea canjerana*, *Guapira opposita* e *Maytenus robusta*. Foram utilizados métodos independentes (PCR-DGGE e pirosequenciamento) e um método dependente do cultivo (lavagem de solo e filtração de partículas) para a análise da diversidade e estrutura das comunidades de fungos do solo. Os resultados obtidos foram analisados conjuntamente com os dados de atributos químicos do solo e frações da matéria orgânica do solo a fim de verificar suas possíveis relações com as comunidades de fungos. Os resultados obtidos sugerem uma grande diversidade de fungos no solo da Mata Atlântica. Através do método de cultivo, um total de 142 espécies de fungos foi identificado nas três áreas, sendo que a estrutura das comunidades de fungos não foi influenciada pelas espécies arbóreas, mas sim pelas áreas e épocas de amostragem. As comunidades de fungos cultiváveis do PECB e do PEIC foram mais similares entre si do que em relação às comunidades de fungos do solo da EEA, assim como os valores dos atributos químicos do solo dessas áreas foram mais semelhantes entre si. Pelo método de PCR-DGGE, as estruturas das comunidades de fungos das três áreas sofreram influência das espécies arbóreas sob a copas das quais as amostras foram coletadas. Somente a estrutura das comunidades de fungos no solo do PEIC não sofreu influência da época de amostragem. Usando pirosequenciamento, foram obtidas 39.152 sequências da região ITS de fungos, as quais foram agrupadas em 1.800 Unidades Taxonômicas Operacionais (UTOs). A diversidade de fungos na EEA e no PEIC variou em função das espécies arbóreas e épocas de coleta. A análise de NMS de cada área amostrada indicou que as comunidades de fungos do solo são muito homogêneas. O filo Ascomycota foi mais frequentemente detectado, tanto usando metodologia dependente quanto independente de cultivo. De maneira geral, as comunidades de fungos cultiváveis apresentaram maior relação com atributos químicos do solo, áreas e épocas de coleta, e as comunidades de fungos acessadas por PCR-DGGE mostraram maior relação com as épocas de coleta e espécies arbóreas sob as quais as amostras de solo foram coletadas. A análise dos metadados usando rede neural revelou uma dependência da diversidade de fungos em relação às concentrações de ácidos húmicos, ácidos fúlvicos e humina no solo, além do pH e concentração de matéria orgânica total.

Palavras-chave: Matéria orgânica; Lavagem de solo; PCR-DGGE; Pirosequenciamento; Rede neural

ABSTRACT

Soil fungi diversity in the Atlantic Forest

Brazilian Atlantic Forest is recognized as a top priority for conservation in South America because of its large number of innate species and the threats for the biodiversity due to vegetation changes. Although a plethora of data on plant and animal diversity in the Atlantic Forest is available, the diversity of soil microorganisms in this biome is still mostly unknown. Therefore, soil fungi diversity was evaluated in three Atlantic Forest conservation areas of São Paulo state: Estação Ecológica de Assis (EEA), Parque Estadual de Carlos Botelho (PECB) and Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC). A total of 90 soil samples were analyzed, collected in two different seasons (high and low precipitation seasons), and under the canopy projection of three tree species: *Cabralea canjerana*, *Guapira opposita* and *Maytenus robusta*. Two independent cultivation methods (PCR-DGGE and pyrosequencing) and one dependent method (soil washing and particles filtration method) were used for the analysis of soil fungi diversity and community structure. The results of these methods were analyzed together with the data on soil chemical attributes and organic matter fractions in the same samples, in order to verify the possible relations with soil fungi communities. The results suggest a great diversity of soil fungi in the Atlantic Forest. Through the cultivation method, a total of 142 fungi species were identified for the three areas. The structure of fungi communities was not affected by the tree species, but were affected by the sampling areas and seasons. Cultivable fungi community in PECB and PEIC were more similar to each other than in EEA's soil fungi community. In addition, the values of the chemical properties of these areas were more similar to each other. The structure of soil fungi community accessed by PCR-DGGE showed that the three areas were influenced by the tree species under the canopy where the soil samples were collected. Only the structure of PEIC's fungi communities was not influenced by the season. By means of pyrosequencing, 39,152 sequences were retained from the ITS rDNA region, which were clustered in 1,800 Operational Taxonomic Units (OTUs). Fungal diversity in EEA and PECB areas was influenced by the tree species and seasons. NMS analysis of each sampled area showed that soil fungi communities are very homogenous. Ascomycota was the most frequent phylum detected by both dependent and independent cultivation methods. Overall, the communities of cultivable fungi were more related to soil chemical attributes, sampling areas and seasons. Fungal communities accessed by PCR-DGGE showed greater relation with the seasons and tree species where the soil samples were collected. Analysis of metadata using neural network revealed fungal diversity dependence of humic acids, fulvic acids and humin concentrations in soil, as well as pH and organic matter concentrations.

Keywords: Organic matter; Soil washing method; PCR-DGGE; Pyrosequencing; Neural Net

1 INTRODUÇÃO

A Mata Atlântica é uma floresta tropical que abriga grande biodiversidade e vasta quantidade de espécies endêmicas (METZGER, 2009). Porém a vegetação natural deste bioma está sendo substituída, devido a diversas atividades humanas, ameaçando sua biodiversidade. Em virtude da riqueza biológica e níveis de ameaça, a Mata Atlântica constitui uma das 34 áreas de prioridade para a conservação da biodiversidade mundial (MITTERMEIER et al., 2005). Na busca de meios para conservação deste bioma, vários estudos sobre a diversidade de espécies de plantas e animais foram realizados, porém, ainda há pouca informação acerca dos micro-organismos que compõem esse ambiente.

Dentre os micro-organismos que habitam o solo, os fungos normalmente estão entre os mais abundantes em termos de biomassa e atividade fisiológica (BILLS et al., 2004). São importantes componentes da biodiversidade e essenciais para a sobrevivência de outros organismos, atuam em processos ecológicos globais, podem ser fontes de novos compostos bioativos, além de exercer papel na supressão de doenças de plantas (HAWKSWORTH, 2001). Apesar de seus papéis nos ecossistemas serem bem documentados, poucas espécies de fungos foram descritas e ainda é pequeno o conhecimento sobre a dinâmica populacional, estrutura das comunidades e diversidade desse grupo de micro-organismos (HAWKSWORTH, 2001). Acredita-se que aproximadamente 100.000 espécies de fungos foram registradas, mas estima-se que exista entre 1,5-5,1 milhões de espécies no planeta (HAWKSWORTH, 2001; O'BRIEN et al., 2005). Alguns autores estimam que levará 4000 anos até que todas as espécies de fungos sejam descritas (MUELLER; SCHMIT, 2007).

Como as florestas tropicais têm maior diversidade de espécies do que as vegetações clímax das regiões temperadas, várias áreas ainda devem ser investigadas nos trópicos com potencial para a identificação de novas espécies de fungos.

As comunidades de fungos em solos florestais sofrem variações espaciais e temporais e são afetadas por numerosos fatores bióticos e abióticos, como as estações do ano, características do solo e espécies de árvores (TEDERSOO et al., 2010; BUÉE et al., 2009). Os fungos do solo, pela estreita relação com as plantas,

podem ser um dos determinantes primários da estrutura das comunidades vegetais e também são amplamente influenciados por estas comunidades (MUMMEY et al., 2010). As árvores fornecem a liteira ao solo, modificando o acesso da radiação e precipitação da água, e suas raízes interagem diretamente com os micro-organismos do solo, através dos exsudatos liberados pelas mesmas (GÖMÖRYOVÁ, et al., 2009).

É possível que o efeito da vegetação sobre as comunidades de fungos esteja associado à matéria orgânica do solo, a qual apresenta relação direta com muitos atributos físicos, químicos e biológicos do solo (PÉREZ-PIQUÉRES et al., 2006).

A estimativa da diversidade de fungos do solo depende do método utilizado para identificação dos mesmos, visto que o número de isolados de fungos (unidades formadoras de colônias - UFCs) ou de unidades taxonômicas operacionais (UTOs) obtido varia em função da metodologia adotada (GAMS, 2007). As metodologias de cultivo são capazes de recuperar apenas uma pequena parte da comunidade total de fungos, já que muitos não crescem ou não produzem esporos em meio de cultura (O'BRIEN et al., 2005). Mais recentemente, as técnicas moleculares baseadas no DNA de amostras ambientais têm revolucionado nossa visão da diversidade microbiana, pois permitem a caracterização de comunidades microbianas complexas, independente do cultivo de micro-organismos (O'BRIEN et al., 2005).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de determinar a diversidade e a estrutura da comunidade de fungos do solo em três unidades de conservação da Mata Atlântica: Estação Ecológica de Assis, Parque Estadual de Carlos Botelho e Parque Estadual da Ilha do Cardoso. Para avaliar de que maneira as espécies arbóreas, época de coleta e as características do solo podem influenciar nessas comunidades, foram analisadas amostras de solo coletadas sob a copa de três espécies arbóreas (*Cabralea canjerana*, *Guapira opposita* e *Maytenus robusta*) em duas estações climáticas distintas, utilizando os métodos de cultivo de partículas do solo, de eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE) e de pirosequenciamento da região ITS do rDNA.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 A Mata Atlântica

As Florestas Tropicais abrigam mais de 50% da biodiversidade do planeta, sendo consideradas os ambientes mais ricos em biodiversidade (MYERS et al., 2000). Dentre as Florestas Tropicais, a Mata Atlântica é uma das mais ameaçadas, pois atualmente está reduzida a menos de 8% de seus 1.350.000 km² originais e, apesar disto, ainda é a terceira maior formação vegetal do Brasil (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2008).

A Mata Atlântica ocupa 13% do território nacional e estende-se desde o Ceará até o Rio Grande do Sul (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2008). Este bioma é composto por várias unidades fitogeográficas, constituindo um mosaico vegetal de grande diversidade.

Possui grande número de espécies (1 a 8% do total de espécies conhecidas no mundo) com alto endemismo em vários grupos taxonômicos. Este bioma abriga aproximadamente 8.000 espécies de árvores (40% do total), além de várias espécies de aves, mamíferos, répteis e anfíbios, sendo esses os grupos taxonômicos mais estudados nesta área (MITTERMEIER et al., 2005). A Mata Atlântica constitui um dos 34 “hotspots” da biodiversidade mundial, em virtude da riqueza biológica e níveis de ameaça (MYERS et al., 2000; METZGER, 2009).

Desde a época da colonização do Brasil, a Mata Atlântica tem passado por uma série de surtos de conversão de florestas naturais em ambientes para os mais diversos usos. A fragmentação florestal ocasiona drástica redução da diversidade biológica e mudanças no microclima, dentre outros danos, afetando assim as relações ecológicas neste bioma (RANKIN-DE-MERONA; ACKERLY, 1987). O desmatamento da Mata Atlântica pode levar à extinção de um número incalculável de espécies, sendo que muitas podem ter sido extintas antes mesmo de serem descritas (MORI; BOOM; FRANCE, 1981; REIS et al., 1992).

Para inventariar e caracterizar a biodiversidade do estado de São Paulo, foi criado o programa “BIOTA/FAPESP, O Instituto Virtual da Biodiversidade” que visa

promover a conservação e uso sustentável da biodiversidade. Este programa é resultado da articulação da comunidade científica do estado em torno das premissas preconizadas pela Convenção sobre a Diversidade Biológica. Dentro desse programa, foi criado o projeto “Diversidade, dinâmica e conservação em florestas do estado de São Paulo – 40 ha de parcelas permanentes” (RODRIGUES et al., 2008), o qual estabeleceu parcelas permanentes em quatro unidades de conservação do estado de São Paulo, Parque Estadual de Carlos Botelho (PECB), Parque Estadual Ilha do Cardoso (PEIC), Estação Ecológica de Caetetus (EEC) e Estação Ecológica de Assis (EEA). Cada uma dessas unidades é remanescente de formações florestais com composição florística, estrutura e dinâmica próprias (RODRIGUES et al., 2008).

Nestas Unidades de Mata Atlântica foram registradas 11.500 indivíduos arbóreos de 260 espécies na floresta ombrófila densa (parcela do PECB), 15.500 árvores de 121 espécies na floresta de restinga (parcela do PEIC), 22.000 indivíduos de 115 indivíduos arbóreos no cerradão (parcela da EEA) e 12.000 indivíduos arbóreos 150 espécies na floresta estacional semidecidual (EEC), utilizando a método de parcelas permanentes. O resultado dos estudos florísticos constatou baixa similaridade florística, sendo que cada formação vegetal apresentou comunidade de plantas característica, em função dos fatores bióticos e abióticos característicos. Também foram coletados dados meteorológicos e de atributos do solo de cada área, que permitiram caracterizar o clima e os solos das unidades distintas.

As informações produzidas pelo Programa Biota-FAPESP (www.biota.org.br) estão em bancos de dados abertos à comunidade científica do Brasil e do exterior. A padronização das coletas permitiu a construção do Sistema de Informação Ambiental, SinBiota (<http://sinbiota.cria.org.br>), que cadastra e integra as coletas de plantas ou de animais realizadas no Estado de São Paulo com coordenadas geográficas, que podem ser consultadas a partir do nome científico da planta ou do animal, do nome do coletor, da localidade ou da data de coleta.

Muito embora uma quantidade apreciável de informações sobre a diversidade vegetal e animal esteja disponível, pouco se sabe sobre a diversidade de micro-organismos existentes no solo da Mata Atlântica, e menos ainda sobre seus papéis funcionais nesse bioma.

2.1.2 Filogenia e taxonomia de fungos

Há mais de 200 anos, micologistas debatem sobre quais organismos podem ser considerados como Fungos. Desse modo, vários trabalhos estão sendo realizados com o intuito de organizar a diversidade de fungos em um cenário filogenético.

A pesquisa de filogenia de fungos tem unido os esforços de vários micologistas, e três projetos merecem destaque nessa área, pelo número de pesquisadores envolvidos e resultados gerados: “A Phylogeny for Kingdom Fungi (Deep Hypha)” e os sucessivos projetos “Tree of Life”: “Assembling the Fungal Tree of Life” (AFTOL-1) e um segundo projeto em andamento (AFTOL-2) (BLACKWELL, 2011).

O resultado do projeto Deep Hypha foi publicado em um número da revista *Mycologia*, que incluiu 24 artigos que descreveram a filogenia dos principais grupos e dataram a origem dos fungos (*Mycologia* 98: 829-1103). Participantes incluíram 156 autores, alguns envolvidos em mais de um artigo. Já a publicação que mostrou os resultados do AFTOL-1 incluiu a citação da classificação filogenética até o nível taxonômico de ordem, e é amplamente usada e citada frequentemente. O artigo incluiu 68 autores de mais de 20 países, mostrando envolvimento global nesses projetos (HIBBETT et al., 2007). Por último, o projeto AFTOL-2 está sendo realizado e objetiva aumentar a amostragem dentro dos táxons basais para dados moleculares, além da descoberta de caracteres morfológicos e bioquímicos (Banco de dados estrutural e bioquímico AFTOL, [HTTP://aftol.umn.edu](http://aftol.umn.edu); CELIO et al., 2006).

Na última década, o sequenciamento de DNA forneceu novos caracteres para análise filogenética dos fungos. Isso permitiu a identificação de 10 filos, membros do reino Fungi monofilético (Figura 1). Segundo a nova árvore filogenética, o menor número de espécies em determinados grupos pode ter ocorrido devido a fatores como a dificuldade de isolamento de fungos e incapacidade de aplicação de métodos moleculares, mas não há dúvidas de que os filos Ascomycota e Basidiomycota compreendem a maioria da diversidade fúngica (Figura 1).

De acordo com essa nova filogenia proposta para o reino Fungi, os grupos de fungos zoospóricos e zigospóricos não foram suportados como monofiléticos. As maiores mudanças são relativas a grupos que foram tradicionalmente incluídos em

Chytridiomycota e Zygomycota. Os Chytridiomycota foram retidos com Blastocladiomycota e Neocallimastigomycota, representando filios segregados de fungos com esporos móveis. Táxons tradicionalmente incluídos em Zygomycota foram distribuídos entre Glomeromycota e vários “incertae sedis”, incluindo Mucoromycotina, Entomophthoromycotina, Kickxellomycotina, e Zoopagomycotina. Microsporidia foi incluído no reino Fungi, mas subdivisões não foram propostas para esse grupo (HIBBETT et al., 2007). Esses novos achados suportam hipóteses prévias baseadas em evidências morfológicas (BLACKWELL, 2011).

Figura 1 – Filos do reino Fungi e número de espécies em cada grupo (BLACKWELL et al., 2011). Árvore baseada em Hibbett et al. (2007), White et al. (2006), e James et al. (2006). Modificado

O progresso na descrição de espécies é registrado no *MycoBank*, que mostra o andamento da pesquisa mundial em micologia. Entre os anos de 1999 e 2009, em média 1.196 novas espécies de fungos foram descritas por ano, com 1.030 espécies descritas apenas em 2009. Até o momento foram catalogadas quase 100.000 espécies de fungos, de acordo com o *Dictionary of the Fungi* (KIRK et al., 2008). É difícil prever quanto ainda falta para completar o inventário global de fungos, porque o número restante de espécies de fungos não é conhecido. Porém, Hawksworth (2001) estima que exista 1,5 milhões de espécies de fungos. Esta

estimativa baseia-se na associação de fungos com plantas. Hawksworth (2001) assume determinados táxons de fungos para espécies de plantas vasculares. Se levarmos em conta essa estimativa, considerando-se a grande diversidade de espécies de árvores na Mata Atlântica, e ainda o elevado grau de endemismo, poderíamos estimar um grande número de espécies de fungos e ainda vasta quantidade de espécies endêmicas de fungos para este bioma (SCHMIT; MUELLER, 2007). No entanto, é difícil extrapolar geograficamente e taxonomicamente as associações fungo-planta para uma escala global, correndo-se o risco de uma superestimação da real diversidade de fungos (BASS; RICHARDS, 2011). Habitats de fungos incluem também o solo, a água e organismos que podem hospedar grande número de espécies de fungos desconhecidas (BLACKWELL, 2011).

Outra estimativa, feita por O'Brien et al. (2005), baseada em dados de sequenciamento da região ITS de fungos de amostras de solo e no número de espécies de árvores da região amostrada, sugere que há entre 3,5-5,1 milhões de espécies de fungos. Por outro lado, Schmit e Mueller (2007) estimam 712.000 espécies, baseando-se em distribuições biogeográficas, níveis de endemismo e especificidade do hospedeiro das espécies de fungos já listadas. Levando em consideração a estimativa de Hawksworth, pela atual taxa de descrição de espécies, levaremos até 1.170 anos para completar o inventário fúngico global. Já pela estimativa de O'Brien, entre 2.840-4.170 anos serão necessários para que se complete esse inventário (HIBBETT et al., 2011).

Mais recentemente, Mora e colaboradores (2011) estimaram o número total de espécies na Terra usando um algoritmo preditivo baseado na correlação existente entre o número de táxons superiores e os ranks taxonômicos de todas as formas de vida. Essa inferência é baseada no fato de que o número de táxons superiores é mais completo e consistente que o número total de espécies. Porém, para micro-organismos esta inferência não é adequada, pois novos táxons superiores são descritos com frequência, e o nível de espécie nem sempre é a unidade de foco das pesquisas. De acordo com a predição de Mora e colaboradores (2011), há aproximadamente 611.000 espécies de fungos na Terra (BASS; RICHARDS, 2011).

O número de unidades taxonômicas operacionais (UTOs) descobertas em pesquisas ecológicas têm aumentado drasticamente. Em 2008 e 2009, o número de

sequências depositadas no banco de dados de nucleotídeos do GenBank excedeu o número de espécies descritas baseadas em espécimes-tipo, e esse número não inclui o vasto número de UTOs sem nomes, descobertas em estudos de pirosequenciamento (HIBBETT et al., 2011).

A maioria das novas espécies, no entanto, continua sendo descrita sem dados moleculares relacionados. Na tentativa de mudar esse quadro, um novo sistema de classificação vem sendo proposto, baseando-se em sequências ambientais. De acordo com esse sistema, UTOs poderiam ser formalmente nomeadas pelo existente Código Internacional de Nomenclatura Botânica e incluiriam-se amostras ambientais, ilustrações de cromatogramas de sequências ou alinhamentos como material de depósito, ao invés do isolado fúngico (HIBBETT et al., 2011).

A descrição de táxons baseada em sequências deve ser discutida por taxonomistas e ecologistas. Contudo, parece ser uma boa alternativa para acelerar a descrição de novas espécies de fungos.

No Brasil, apesar da megabiodiversidade, poucos dados sobre a diversidade de fungos em amostras ambientais são disponíveis. No entanto, tem-se observado um esforço crescente em inventariar a diversidade micológica do país. Exemplos disso são os trabalhos desenvolvidos sobre fungos associados às plantas do cerrado brasileiro (DIANESE; DIANESE, 1995; FURLANETTO; DIANESE, 1997; INÁCIO; DIANESE, 1999; DIANESE; INÁCIO; DORNELO-SILVA, 2001; SANTIAGO; DIANESE, 2003; DORNELO-SILVA; DIANESE, 2004), inventários de fungos liquenizados (MARCELLI; RIBEIRO, 2002), de fungos endofíticos (RODRIGUES, 1994; RODRIGUES; SAMUELS, 1990; 1992; 1994; 1999) e de fungos fitopatogênicos associados a plantas daninhas (BARRETO; TORRES, 1999; BARRETO et al., 2000; PEREIRA; BARRETO, 2000; FERNANDES; BARRETO, 2005; SOARES et al., 2006).

Trabalhos referentes a fungos em áreas da Mata Atlântica ainda são escassos, mas podem ser listados alguns realizados no estado de São Paulo (GRANDI; GUSMÃO, 2002; SCHOENLEIN-CRUSIUS, 2006; MIRANDA, 2007; PIREZ-ZOTARELLI; GOMES, 2007) e no estado do Pernambuco (MAIA, 1983; 1998). De fato, esses estudos são muito relevantes, porém, a maioria desses estudos de fungos da Mata Atlântica foi realizada com apenas alguns grupos de fungos. Além disso, estes trabalhos não buscaram uma relação entre os fungos

identificados e variáveis ambientais. Assim, há necessidade de estudos que abordem, de maneira mais ampla, a diversidade de fungos na Mata Atlântica.

2.1.3 Fungos do solo

O solo é um meio altamente complexo, com múltiplos componentes bióticos e abióticos, consistindo de vários microambientes. Consequentemente, os micro-organismos e a fauna do solo ocupam vários nichos (BILLS et al., 2004). Distúrbios causados pelo homem, especialmente cultivos agrícolas, erosão e contaminação afetam esse ambiente, e têm impacto na diversidade da biota do solo. O conhecimento dos organismos constituintes do solo é importante para o desenvolvimento de estratégias de conservação mais eficientes.

A biomassa microbiana do solo (BMS) é uma importante fonte de matéria orgânica, sendo constituída principalmente pelos organismos pertencentes aos domínios Archaea, Bacteria e Eukarya. Dentro do domínio Eukarya, destaca-se a biomassa fúngica e de nematóides.

Além de desenvolver papel importante na ciclagem de nutrientes, a BMS também é importante na supressão de patógenos de plantas, decomposição de resíduos e degradação de poluentes, sendo frequentemente considerada como um bom indicador da qualidade do solo e de mudanças nos níveis de matéria orgânica (KASCHUK et al., 2010).

Dentre os micro-organismos que compõem a biomassa do solo, os fungos merecem destaque por se tratar do principal grupo decompositor da matéria orgânica complexa, degradando a celulose e lignina, além de outros polímeros amplamente encontrados em áreas florestais. São essenciais para a ciclagem e transporte de nutrientes para as plantas, além de exercer papel importante na supressão de doenças (THORN, 1996; DORAN; ZEISS 2000; HILL et al., 2000). A habilidade dos fungos em degradar substratos complexos de origem vegetal representa até 90% da produtividade primária na maioria dos ecossistemas terrestres. As simbioses mutualísticas exercidas entre fungos e espécies de plantas, as micorrizas, bem como as interações parasíticas que causam muitas doenças em plantas, têm grandes impactos, tanto em termos ecológicos como econômicos. No entanto, o entendimento sobre a diversidade e o funcionamento das comunidades

de fungos do solo permanece relativamente restrito, em comparação às comunidades de bactérias (HATTORI et al., 1997; OGRAM, 2000; KENT; TRIPLETT, 2002).

Os fungos do solo, pela estreita relação com as plantas, podem ser um dos determinantes primários da estrutura das comunidades vegetais e, por outro lado, são amplamente influenciados por estas comunidades (MUMMEY et al., 2010). As árvores fornecem a liteira ao solo, modificando o acesso da radiação e precipitação da água. Suas raízes interagem diretamente com os micro-organismos do solo, através dos exsudatos liberados pelas mesmas (GÖMÖRYOVÁ, et al., 2009). A liteira e os exsudatos, por sua vez, são decompostos pelos micro-organismos. É bem documentado que os restos vegetais selecionam diferentes comunidades de fungos, devido às diferenças nos componentes químicos, uma vez que a permanência de uma população no ecossistema fica condicionada à sua habilidade de adaptação e de resposta às características ambientais (PERSIANI; CASADO, 1998; GRAYSTON; PRESCOTT, 2005).

Vários trabalhos realizados em formações florestais com vegetação uniforme têm demonstrado que espécies de árvores possuem a capacidade de selecionar determinadas comunidades de fungos (MYERS et al., 2001; LEJON et al., 2005; DE BELLIS; KERNAGHAN; WIDDEN, 2007). O tipo de vegetação influencia as propriedades físico-químicas e a composição da matéria orgânica do solo (NIELSEN et al., 2010). Dessa maneira, em regiões de clima temperado, com formações vegetais homogêneas e menor riqueza de espécies de plantas, é possível prever as comunidades de fungos mais frequentes (BILLS et al., 2004). Essa afirmação é baseada na suposição de que há uma correlação entre a comunidade de fungos, o tipo de vegetação e as condições edafo-climáticas. No entanto, o que já foi alcançado com relação ao conhecimento das comunidades de fungos do solo nas formações vegetais homogêneas, ainda precisa ser extrapolado para as florestas tropicais, onde diversas espécies arbóreas são encontradas (PFENNING; ABREU, 2006).

É possível que o efeito da vegetação sobre as comunidades de fungos esteja associado à matéria orgânica do solo, que apresenta relação direta com muitos atributos físicos, químicos e biológicos desse ambiente (PÉREZ-PIQUÉRES et al., 2006). A atividade fúngica depende da quantidade e qualidade de matéria orgânica do solo, a qual determina a ocorrência e a distribuição desses micro-organismos

(RUEGGER; TAUKE-TORNISIELO, 2004; CHAUVAT; PONGE; WOLTERS, 2007). Em ecossistemas florestais com grande diversidade de espécies vegetais, como a Mata Atlântica, seria difícil buscar uma relação entre as espécies de árvores e as comunidades de fungos do solo. A análise das frações da matéria orgânica do solo e sua relação com a estrutura das comunidades de fungos poderiam contribuir para o esclarecimento da relação entre as comunidades fúngicas e matéria orgânica do solo.

2.1.4 Métodos de estudo da diversidade fúngica do solo

2.1.4.1 Métodos tradicionais

A estimativa da diversidade de fungos do solo depende do método utilizado para extração dos mesmos, visto que o número de isolados obtidos varia em função da metodologia adotada (GAMS, 2007). Os métodos mais tradicionais utilizados para o estudo de fungos do solo baseiam-se na análise da biomassa microbiana, medição da respiração no solo, ciclagem de nitrogênio, ou até mesmo a observação direta do micélio crescendo nas partículas de solo (ANDERSON; INGRAM, 1989; BRODIE; EDWARDS; CLIPSON, 2003; HOUSTON; VISSER; LAUTENSCHLAGER, 1998). As técnicas de marcação de células específicas com sondas de RNA ou DNA, usando hibridização fluorescente in situ (FISH), têm sido aplicadas no solo, mas sem muito sucesso. Fosfolipídeos derivados de membranas celulares, caracterizados por diferentes cadeias aciladas, têm sido úteis na identificação de modificações da estrutura das comunidades de fungos e bactérias de solos sujeitos a vários estresses (ZELLES et al., 1992).

O ergosterol, um componente das membranas das células fúngicas, pode fornecer uma estimativa da biomassa de fungos do solo. Contudo, nenhum desses métodos relatados marca grupos com funções-chave, específicas do solo, ou fornece informações sobre as espécies envolvidas nos processos que ocorrem no solo (HIRSCH; MAUCLINE; CLARK, 2010).

Os procedimentos microbiológicos clássicos para o estudo de fungos do solo são baseados no isolamento e cultivo, em meio de cultura, de esporos ou hifas ativas do solo, para posterior identificação e quantificação. Usando essas técnicas

de cultivo é possível distinguir entre hifas ativas e propágulos dormentes (HAGN et al., 2003).

O método de diluição e plaqueamento é o mais comumente utilizado para o isolamento e quantificação de fungos e bactérias do solo. É uma técnica simples, na qual uma quantidade conhecida de solo é suspensa em água esterilizada e colocada sob agitação durante alguns minutos. Uma série de diluições é preparada a partir dessa suspensão, até que seja alcançada a concentração final desejada (PFENNING; ABREU, 2008).

Por outro lado, a diluição em placa apresenta tendência ao isolamento daqueles fungos que são capazes de produzir grandes quantidades de esporos e têm rápido crescimento em meios de cultura ricos em nutrientes. Assim, parte da comunidade de fungos do solo, que se apresenta como micélio ativo e que possui menor habilidade para competir com espécies de maior proliferação em meio de cultura, é suprimida nessa técnica (BÅÅTH, 1988; TSAO; ERWIN; BARTNICKI-GARCIA, 1983).

A técnica de lavagem de solo é uma opção que privilegia o isolamento de fungos que estão crescendo ativamente nas partículas de solo, em detrimento daqueles que estão presentes sob a forma de grandes quantidades de esporos dormentes (WIDDEN; PARKINSON, 1973; BÅÅTH, 1998). Através desta metodologia, após sucessivas lavagens de amostras de solo com posterior descarte do sobrenadante, é possível eliminar o excesso de esporos presentes no solo, favorecendo também o desenvolvimento de fungos que apresentam dificuldade de esporulação (PFENNING; ABREU, 2006). Após a lavagem, as partículas que compõem o solo podem ser separadas em uma série de peneiras. As partículas retidas na peneira de menor abertura de malha são transferidas para placas de Petri contendo meios apropriados ao desenvolvimento de fungos (THORN et al., 1996; TIUNOV; SCHEU, 2000).

O tamanho da partícula de solo é inversamente proporcional ao número de isolados obtidos de cada partícula. Portanto, o uso de peneiras com menor abertura de malha e, conseqüentemente, a transferência de partículas menores de solo para os meios de cultura podem favorecer o isolamento de maior quantidade de fungos, e também aqueles de crescimento lento (BÅÅTH, 1988).

A determinação da exata diversidade de fungos em amostras de solo não é um trabalho trivial. Um dos principais problemas associados a esses estudos é a

natureza fastidiosa de alguns grupos de fungos que não são capazes de crescer em meio de cultura. Desta maneira, as metodologias de cultivo são capazes de recuperar apenas uma pequena parte da comunidade total de fungos, já que muitos não crescem ou não produzem esporos em meio de cultura, impossibilitando ou dificultando sua identificação (O'BRIEN et al., 2005).

2.1.4.2 Métodos moleculares

Mais recentemente, as técnicas moleculares baseadas no sequenciamento do DNA de amostras ambientais têm revolucionado nossa visão da diversidade microbiana (O'BRIEN et al., 2005). Estas técnicas independentes de cultivo ajudam a registrar grupos de fungos não acessíveis pelos métodos dependentes de cultivo.

O DNA total extraído do solo representa o metagenoma do solo, e os métodos usados para o estudo deste material são definidos como “metagenômica”. Este mesmo termo também é usado para descrever o isolamento e clonagem de fragmentos de DNA relativamente grandes e intactos (10-100 kb) de comunidades microbianas, que podem conter vários genes e operons.

A extração de ácidos nucleicos do solo é complicada pela presença de substâncias húmicas, partículas de argila que podem se ligar aos ácidos nucleicos e dificultar sua purificação. Ácidos húmicos e fúlvicos podem inibir reações enzimáticas posteriores. Um importante passo na purificação de ácidos nucleicos do solo é a remoção de contaminantes orgânicos que são co-extraídos com os mesmos. Outro passo importante é o de lise das células. Métodos de rupturas da parede celular e membranas usando pérolas de vidro são eficientes para a extração de ácidos nucleicos de fungos. Levando em consideração essas características do solo e do grupo de micro-organismos alvo, várias técnicas têm sido desenvolvidas para a extração do DNA e RNA do solo (ROOSE-AMSALEG; GARNIER-SILLAM; HARRY, 2001; ROBE et al., 2003; THAKURIA et al., 2009).

Comunidades de fungos responsáveis por atividades particulares podem ser estudadas através da marcação “in situ”, a qual relaciona funções com a identidade taxonômica. Substratos podem ser marcados com isótopos radioativos, permitindo a micro-autoradiografia de células que incorporaram a marcação. Marcação de substratos com isótopos estáveis também é possível. Na técnica conhecida como

SIP (Sondagem com isótopos estáveis), substratos marcados com $^{13}\text{C}/^{15}\text{N}$ são incorporados ao DNA e rRNA das células dos micro-organismos que metabolizam o substrato escolhido. Após a extração dos ácidos nucleicos do solo, a fração marcada pode ser separada da fração sem marcação por centrifugação em gradiente de densidade, clonada e caracterizada. Assim, grupos metabolicamente ativos podem ser identificados posteriormente (HIRSCH; MAUCLINE; CLARK, 2010).

A escolha entre DNA ou RNA para o estudo de comunidades de fungos é um assunto bastante questionado. O DNA extraído do solo representa o metagenoma total, incluindo o DNA de células não viáveis. Por outro lado, o RNA é sintetizado apenas por células em crescimento e é degradado rapidamente após a morte da célula. Com isso pode-se identificar os membros funcionais da comunidade microbiana do solo, levando a inferências mais precisas sobre funções (McGRANT et al., 2008). Porém, o RNA é mais sensível à degradação por processos inadequados de manuseio ou estoque. Por isso, pode ser mais difícil o controle da qualidade e integridade desse ácido nucleico (PEREZ-NOVO et al., 2005).

A escolha dos genes-alvos para a análise das comunidades microbianas é importante e deve ser levada em consideração a informação disponível em bancos de dados para a escolha do gene mais apropriado. A região do espaço interno transcrito (ITS) do DNA ribossômico (ITS rDNA) é um marcador utilizado em estudos filogenéticos de fungos e plantas. Essa região tem sido proposta como um marcador potencial de “código de barras” para fungos (BEGEROW et al., 2010; PORTER; GOLDING, 2011). O ITS rDNA é composto pela região 1 do espaço interno transcrito (ITS 1), o gene do rRNA 5,8S e a região 2 do espaço interno transcrito (ITS 2). Essas regiões espaçadoras são menos conservadas e evoluem mais rapidamente que os genes ribossomais, por isso são muito úteis na determinação de relações evolutivas no nível de espécie e também abaixo de espécie. Os iniciadores usados em estudos ambientais são desenhados usando sequências de regiões conservadas que amplificam produtos das seções variáveis. Os genes do rRNA 18S são também usados no estudo de ecologia e filogenia de fungos, porém, são mais adequados para discriminação ao nível de reino à família, por serem de uma região mais conservada (MITCHELL; ZUCCARO, 2006).

Os bancos de dados AFTOL e UNITE contém sequências de ITS de fungos que têm sido identificadas por especialistas (McLAUGHLIN et al., 2009;

ABARENKOV et al., 2010). Muitas das sequências desses bancos de dados estão também disponíveis no GenBank, que é a fonte mais utilizada para classificação de sequências de ITS (PORTER; GOLDING, 2011).

A reação em cadeia da polimerase (PCR) explora a replicação semi-conservativa do DNA para permitir a amplificação exponencial de sequências-alvo e pode produzir várias sequências após ciclos de síntese de DNA. Esta técnica, primariamente, fornecia informações em relação à presença ou ausência do organismo na amostra sob investigação. Posteriormente, métodos de PCR quantitativos foram desenvolvidos, e hoje em dia há vários sistemas comerciais diferentes que oferecem PCR em tempo real quantitativo (qPCR), usando marcações fluorescentes para medir a progressão da amplificação do DNA durante a reação. Isso tornou possível o acesso a várias amostras diferentes simultaneamente e tem melhorado a eficiência de medida de populações do solo (HIRSCH; MAUCLINE; CLARK, 2010).

A diversidade das comunidades de fungos pode ser analisada pela separação dos produtos de PCR derivados de iniciadores universais. Vários métodos de separação de amplicons podem ser utilizados para estudo da estrutura das comunidades de fungos do solo e permitem a identificação de modificações nas populações ao longo do tempo, ou em diferentes áreas, ou sob diferentes tratamentos. Dentre tais métodos, os mais utilizados são o Polimorfismo do comprimento de fragmentos de restrição terminal (T-RFLP), a Análise automatizada do espaço intergênico ribossomal (ARISA), o Polimorfismo de conformação de fita simples (SSCP) e a Eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE) (MUYZER; WAAL; UITTERLINDEN, 1993; AVANISS-AGHAJANI et al., 1994; FISCHER; SCHWEIGER; TEBBE, 1998; TRIPLETT, 1999).

No T-RFLP, um ou ambos iniciadores podem ser marcados com fluorescência e os produtos de PCR digeridos com enzimas de restrição para revelar o polimorfismo dos fragmentos, que são separados por capilaridade em gel de eletroforese. Os tamanhos dos fragmentos marcados podem ser comparados com dados de filos conhecidos. O ARISA é um método similar que compara o comprimento de regiões espaçadoras dos genes ribossomais. O SSCP é menos usado e compara produtos de PCR de mesmo tamanho que apresentam diferentes mobilidades eletroforéticas de fragmentos de fita simples de DNA (HIRSCH; MAUCLINE; CLARK, 2010).

Por último, o DGGE é uma técnica que permite a comparação rápida e de baixo custo da estrutura das comunidades fúngicas do solo, através da migração diferencial em gel de acrilamida com gradiente desnaturante de fragmentos do gene rRNA 18S ou regiões ITS, amplificados via PCR, que apresentem diferentes conteúdos de Guanina e Citosina. Através do DGGE é possível determinar alterações na estrutura de uma comunidade de fungos em amostras diferentes (MUYZER; WAAL; UITTERLINDEN, 1993; VAN ELSAS et al., 2000; ANDERSON et al., 2003; VALÁŠKOVÁ; BALDRIAN, 2009).

As técnicas de microarranjo vêm sendo utilizadas no estudo de comunidades microbianas do solo, como o PhyloChip e o GeoChip, que identificam táxons e genes funcionais, respectivamente. Os microarranjos são desenvolvidos baseando-se na sequência de genes depositadas no GenBank do NCBI, são construídas marcações que podem identificar táxons ou genes funcionais. Todavia, microarranjos dependem do conhecimento prévio de sequências do DNA, não sendo possível a identificação de espécies. Ainda há poucas informações sobre a diversidade taxonômica e sequências de genes funcionais de fungos do solo. Portanto microarranjos são ainda pouco usados para as comunidades de fungos no solo (HIRSCH; MAUCLINE; CLARK, 2010).

As técnicas de clonagem e sequenciamento pelo método de Sanger demandam muito tempo e limitam o número de amostras que podem ser analisadas. Recentemente, o surgimento e desenvolvimento de técnicas de sequenciamento em larga escala vêm criando uma nova era nos estudos de diversidade microbiana. Um exemplo é o pirosequenciamento paralelo massivo. Usando-se essa abordagem metodológica é possível sequenciar simultaneamente milhões de fragmentos de DNA, agilizando o processamento de amostras (CARDENAS; TIDJE, 2008).

No entanto, os métodos de sequenciamento em larga escala podem não detectar grupos menos abundantes, mas ecologicamente essenciais. Nesse ponto, a amostragem direta não é vantajosa. Todavia, com novos métodos sendo desenvolvidos, o sequenciamento vem se tornando cada vez mais eficiente e a única limitação será a análise dos dados de sequências gerados (HIRSCH; MAUCLINE; CLARK, 2010).

Os dados produzidos em larga escala representam considerável desafio para a bioinformática. Tentando solucionar esse problema, vários grupos estão criando

“pipelines” que reúnem vários programas para análise de sequências, disponíveis online, e sem custo para o usuário. Os “pipelines” otimizam o tempo de análise dos dados e não necessitam de processadores potentes para funcionar, facilitando a análise dos dados.

A diversidade de fungos em amostras ambientais vem sendo estudada com nível de detalhamento jamais imaginado (HIBBETT et al., 2009). Exemplos disso são os estudos conduzidos por O’Brien e colaboradores (2005), Buée e colaboradores (2009) e Lim e colaboradores (2010) em amostras de solos florestais. O primeiro grupo de pesquisadores resgatou 863 sequências de fungos, trabalhando com a região ITS do rRNA, sendo que 412 UTOs (unidades taxonômicas operacionais) foram singletons (única ocorrência). O segundo identificou entre 600-1000 UTOs em cada amostra de solo florestal (4 g), destacando entre 249 e 409 grupos taxonômicos destas amostras de solo. O último grupo obteve 372 taxa a partir de 9.698 sequências analisadas, através do estudo da região do rRNA 18S. Sem dúvida, o uso de pirosequenciamento em amostras de solo irá acelerar o estudo das comunidades de fungos em ecossistemas florestais (BUÉE et al., 2009).

Apesar desse avanço obtido com a biologia molecular, o isolamento e a identificação dos fungos ainda fornecem informações importantes para o entendimento de suas funções (PFENNING; ABREU, 2006). Considerando-se que propriedades funcionais são conservadas entre populações filogeneticamente relacionadas, é possível pressupor os processos bioquímicos realizados por micro-organismos não-cultiváveis, mas filogeneticamente relacionados a micro-organismos cultiváveis com funções metabólicas já conhecidas.

2.1.5 Ecologia de fungos em solos florestais

As florestas, por serem sistemas com alta diversidade biológica, oferecem uma variedade de habitats para mais de metade das espécies de plantas e animais terrestres conhecidas. Devido às atividades humanas, a área global coberta por florestas naturais diminuiu cerca de 13 milhões de hectares anualmente (NIE et al., 2011). Considerando-se o importante papel desempenhado pelos fungos para o

funcionamento de ecossistemas florestais, vários estudos têm sido conduzidos no intuito de conhecer a diversidade de fungos em florestas de várias partes do mundo.

O estudo pioneiro usando o pirosequenciamento para análise de fungos do solo em florestas foi conduzido por Buée e colaboradores (2009) que analisaram a diversidade de fungos em solos sob seis tipos de espécies arbóreas em uma floresta na França. A diversidade e a riqueza de UTOs diferiram entre os seis tipos de solos amostrados, sugerindo forte heterogeneidade espacial, influenciada pelas espécies arbóreas e pela matéria orgânica do solo.

Nie e colaboradores (2011) compararam a diversidade de fungos do solo de uma floresta de pinheiros com áreas de florestas plantadas, na região subtropical da China, usando o sequenciamento de Sanger. De acordo com os índices de diversidade de Shannon-Wiener e análises de curvas de rarefação, a floresta natural apresentou maior diversidade e riqueza de espécies de fungos que as florestas plantadas. Basidiomycota e Ascomycota foram os táxons dominantes nos solos de florestas naturais e plantadas, respectivamente.

Um estudo conduzido por Lentendu e colaboradores (2011) analisou o efeito de 11 condições ambientais na diversidade de fungos do solo em florestas de tundra nos Alpes do sul da França, usando o pirosequenciamento da região ITS de fungos. Este estudo mostrou evidências do determinismo do habitat na distribuição da comunidade de fungos do solo e mostrou a existência de uma rara biosfera de fungos.

Christ e colaboradores (2011) estudaram, pelo sequenciamento de Sager, as comunidades de fungos em horizontes superficiais e rochosos do solo de duas florestas na Alemanha, usando como marcadores a região ITS de fungos e genes funcionais codificadores de lacase. Os resultados deste estudo indicaram que o marcador ITS do rDNA revelou comunidades influenciadas principalmente pelo tipo de floresta analisado, enquanto o marcador para lacase identificou uma comunidade de fungos principalmente afetada pelo pH do solo. As comunidades de fungos detectadas pelo marcador funcional apresentaram diferenças significativas entre os horizontes superficiais e rochosos do solo, indicando que os fungos produtores de lacase são especificamente adaptados em degradar matéria orgânica em solos ao invés de atuar no intemperismo de rochas.

Muitos dos estudos sobre fungos em solos de florestas têm focado no conhecimento sobre as comunidades de fungos micorrízicos (KRANABETTER, et

al., 2005; PALFNER; CASANOVA-KATNY; READ, 2005; NILSSON et al., 2007; OPIK et al., 2009; WALLANDER et al., 2010; HUI, et al., 2011).

Apesar da grande quantidade de estudos relacionados às comunidades de fungos do solo, os inventários sobre a diversidade fúngica em solos sob florestas tropicais não são numerosos (VERGHESE, 1972; BETTUCCI; ROQUEBERT, 1995; PERSIANI; CASADO, 1998; BETTUCCI et al., 2002). A maioria das pesquisas sobre fungos do solo, baseadas em dados moleculares, tem sido realizadas em ecossistemas boreais e temperados. Porém, os dados obtidos em florestas de clima temperado não podem ser generalizados para os fungos do solo de florestas tropicais. Florestas tropicais apresentam centenas de espécies de árvores por hectare, que podem ter importante influência nas comunidades de fungos do solo envolvidas na decomposição da liteira. Os fungos degradam grande porção de compostos derivados de plantas, portanto, a mistura de diversos tipos de folhas na liteira do solo das florestas tropicais pode permitir a coexistência de diversos táxons de fungos que compartilham os mesmos recursos (McGUIRE et al., 2011).

Para verificar o efeito de diferentes tipos de liteiras de plantas e da precipitação na diversidade de fungos do solo, McGuire e colaboradores (2011) analisaram a comunidade de fungos do solo de áreas de floresta tropical no Panamá com diferentes espécies de árvores. Neste estudo, o número de táxons de fungos aumentou significativamente com o aumento da média anual de precipitação, mas não aumentou com a riqueza de plantas. Isso sugere que a precipitação pode ser mais importante que a diversidade de plantas ou nutrientes do solo na estruturação das comunidades de fungos do solo de florestas tropicais.

Em relação ao bioma Mata Atlântica, pouco se sabe sobre as comunidades de fungos do solo, uma vez que poucos estudos foram realizados e a maioria deles se concentra na avaliação de grupos específicos de fungos. Um exemplo foi o estudo realizado no Parque Estadual da Serra da Cantareira, um fragmento da Mata Atlântica localizado no estado de São Paulo com a intenção de inventariar a diversidade de oomicetos em amostras de solo e em corpos d'água (MIRANDA, 2007). Neste trabalho, foi utilizada uma metodologia dependente de cultivo que permitiu o isolamento de 213 oomicetos de uma grande variedade de táxons.

Adicionalmente, Pires-Zottarelli e Gomes (2007) fizeram um estudo sobre a diversidade de fungos do filo Chytridiomycota na Reserva Biológica de Paranapiacaba, um fragmento de Mata Atlântica localizado em Santo André, SP.

Foram identificadas 29 espécies de fungos, sendo que uma das espécies foi registrada pela primeira vez no Brasil.

Um dos poucos estudos que investigou a comunidade total de fungos do solo da Mata Atlântica foi realizado no município de Cubatão, SP. Neste estudo as comunidades de fungos de amostras de água, solo e folheto foram analisadas. Através da metodologia de iscas para isolamento de fungos zoospóricos e metodologia de cultivo para os demais grupos de fungos, foram obtidos 280 taxons de fungos, sendo que 23 espécies deste estudo foram reportadas pela primeira vez no Brasil (SCHOENLEIN-CRUSIUS et al., 2006).

Nenhum dos trabalhos anteriores, porém, utilizou técnicas moleculares para o estudo dos fungos do solo da Mata Atlântica. Além disso, nenhum dos trabalhos estudou a variação da comunidade de fungos em relação a fatores ambientais, como os atributos do solo, frações da matéria orgânica e precipitação ou a influência de espécies de árvores na comunidade de fungos do solo. Portanto, o uso da metodologia de lavagem de solo e cultivo de partículas, juntamente com a análise do perfil de bandas de fragmentos de DNA, obtidos após DGGE, aliados ao pirosequenciamento da região ITS de amostras ambientais, poderá auxiliar no entendimento das comunidades fúngicas do solo da Mata Atlântica e suas relações com os atributos do solo. Além disso, os resultados dessas análises poderão contribuir na descoberta de indicadores de qualidade do solo e colaborar com o desenvolvimento de estratégias de preservação ambiental mais eficientes.

2.2 Material e métodos

2.2.1 Áreas de estudo

A coleta das amostras de solo foi realizada em três unidades de conservação da Mata Atlântica: Estação Ecológica de Assis (EEA), Parque Estadual de Carlos Botelho (PECB) e o Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC) - localizadas em diferentes regiões do Estado de São Paulo (Figura 2) e caracterizadas em detalhe no projeto “Diversidade, dinâmica e conservação em Florestas do Estado de São Paulo: 40 ha de parcelas permanentes” do Programa BIOTA/FAPESP (Rodrigues, 2005).

Estação Ecológica de Assis (EEA) (Cerradão). Localiza-se no município de Assis, SP, entre as coordenadas geográficas 22°33'65" a 22°36'68"S e 50°23'00" a 50°22'29"W e altitudes de 520 e 590 m. Esta unidade de conservação foi criada em 1992, tendo sido desmembrada da Estação Experimental de Assis, com o objetivo de proteger integralmente o ecossistema, representativo da vegetação original da região. O solo das parcelas permanentes é predominantemente caracterizado como Latossolo Vermelho Distrófico. O macroclima da região pode ser classificado, em termos gerais, como Tropical Úmido, com pequena estação seca durante o inverno. As temperaturas médias mensais oscilam entre 18,7°C e 25,2°C. A região é isenta da influência do oceano, predominando o efeito da continentalidade, o que associado à diminuição das chuvas durante o inverno, impõe uma disponibilidade de horas de insolação bem acima dos valores registrados nos Parques Estaduais da Ilha do Cardoso e de Carlos Botelho. Na região de Assis, a insolação chega a uma média anual de 6,3 horas por dia, ou seja, por volta de 50% do período de luz (fotoperíodo). Essa área apresenta período de excedente hídrico que vai de dezembro a março, totalizando 165 mm, ao passo que as deficiências hídricas ocorrem entre abril e setembro, totalizando, em média, 20 mm.

Parque Estadual de Carlos Botelho (PECB) (Floresta Atlântica de Encosta). Encontra-se na região sul do Estado de São Paulo (24°00' a 24°15'S e

47°45' a 48°10'W). Localiza-se entre os municípios de São Miguel Arcanjo, Capão Bonito e Sete Barras. As parcelas permanentes estão localizadas no Núcleo Sete Barras (Floresta Ombrófila Densa Montana ou Floresta Atlântica de Encosta), com altitude em torno de 800 m, na vertente atlântica da Serra de Paranapiacaba. O solo das parcelas permanentes do PECB é predominantemente caracterizado como Cambissolo Háplico TB Distrófico Húmbrico. A região é caracterizada predominantemente por períodos de excedente hídrico, que oscilam entre 218 e 518 mm, concentrando-se principalmente entre os meses de outubro e março, ao passo que no restante dos meses, entre abril e setembro, o excedente hídrico diminui consideravelmente, podendo haver em alguns anos a ocorrência de deficiências hídricas consideráveis. O clima é classificado como Sub-Tropical sem estação seca. As temperaturas médias do mês mais frio ficam entre -3°C e 18°C. A insolação dessa área é ligeiramente maior do que a observada no litoral, sendo, em média, da ordem de 4,8 a 5,8 horas por dia.

Parque Estadual da Ilha do Cardoso (PEIC) (Floresta de Restinga). Situa-se no extremo sul do litoral do Estado de São Paulo no município de Cananéia, (25°03'05"a 25° 8'18"S e 47°53'48"a 48°05'42"W). Na Ilha são encontradas diferentes formações vegetais naturais: campo de altitude, floresta atlântica de encosta, vegetação de dunas, floresta de restinga e manguezais. O solo do PEIC é predominantemente caracterizado como Espodossolo Ferrocárbico Hidromórfico. A nebulosidade, responsável pelas chuvas abundantes - entre 1.900 e 2.300 mm/ano - provoca redução significativa na insolação, que na média do ano não passa de 4,3 horas por dia. Essa região apresenta temperatura máxima de 30,4°C e mínima de 12,6°C e o clima é classificado como Tropical Megatérmico.

As parcelas permanentes isoladas nas áreas têm 320 x 320 m, totalizando uma área de 10,24 ha subdividida em 256 sub-parcelas contíguas de 20 x 20 m (400 m²), como mostrado na (Figura 3). Os indivíduos arbóreos contidos em cada sub-parcela estão numerados e georreferenciados, permitindo a precisa localização das espécies.

Figura 2 - Mapa do Brasil destacando o Estado de São Paulo, mostrando as três unidades de conservação onde o projeto foi desenvolvido. 1- Parque Estadual Ilha do Cardoso (PEIC), 2- Parque Estadual de Carlos Botelho (PECB) e 3- Estação Ecológica de Assis (EEA)

Estação Ecológica de Assis (EEA)

Parcela Permanente (EEA)

Parque Estadual Carlos Botelho (PECB)

Parcela Permanente (PECB)

Parque Estadual Ilha do Cardoso (PEIC)

Parcela Permanente (PEIC)

Figura 3 - Unidades de Conservação contendo Parcelas Permanentes do Projeto BIOTA/FAPESP. Os símbolos representam a localização das espécies arbóreas sob as quais as amostras de solo foram coletadas: *Cabralea canjerana* (●); *Guapira opposita* (▲); *Maytenus robusta* (■)

2.2.2 Amostragem

As amostras de solo foram coletadas sob a projeção da copa de 5 indivíduos de 3 espécies arbóreas: *Cabralea canjerana*, *Guapira opposita* e *Maytenus robusta* em cada unidade de estudo (EEA, PECB e PEIC). Estas espécies foram escolhidas por estarem presentes nas três unidades, permitindo uma correlação espaço-temporal das comunidades de fungos do solo.

A coleta foi feita em duas épocas, de baixa e alta pluviosidade, para verificar se a alteração nas condições pluviométricas influencia as comunidades de fungos. A coleta da época de baixa pluviosidade foi realizada em Setembro de 2008 no PECB, e em Julho 2009 na EEA e PEIC. A de alta pluviosidade foi realizada em Fevereiro de 2009 na EEA e em Março de 2009, nos parques PECB e PEIC. No total, foram coletadas 90 amostras de solo.

A amostragem de solo foi realizada retirando-se cerca de 500 a 1.000g de solo da camada de 0-20 cm de profundidade sob a copa das árvores, utilizando-se um trado. Foram coletadas três subamostras sob a copa de cada árvore (Figura 4). Essas subamostras foram misturadas em um saco plástico, formando uma amostra composta que foi devidamente identificada e armazenada a 4 °C, para análises químicas e para o método de cultivo de fungos, e a -80 °C, para análises moleculares.

Figura 4 - Coleta das amostras de solo. **A.** Coleta das 3 subamostras. **B.** Detalhe do trado com solo. **C.** Saco plástico contendo uma amostra composta (3 subamostras misturadas)

2.2.3 Análises químicas

As amostras de solo foram secas em estufa a 60 °C e peneiradas em malha de 2 mm. A caracterização química do solo foi realizada conforme a metodologia proposta por Raij e colaboradores (2001). A acidez ativa do solo foi determinada através da medição do pH em solução de CaCl_2 0,01M e a acidez potencial do solo por medição de H+Al em solução SMP. A determinação da quantidade de matéria orgânica do solo (MO) foi feita pela oxidação por dicromato em meio ácido e posterior análise colorimétrica. Os elementos fósforo (P), cálcio (Ca) e magnésio (Mg) foram extraídos do solo por resina trocadora de íons. O Ca e o Mg foram mensurados por espectrofotometria de absorção. O P foi quantificado por colorimetria usando molibdato. O potássio (K) foi extraído do solo através da solução Mehlich-1 e seu teor foi determinado por fotometria de chama. A capacidade de troca catiônica total (T) foi determinada pela soma dos cátions Ca, Mg, K, H+Al. Os valores da soma de bases trocáveis (SB) foram obtidos pela soma dos valores de Ca, Mg e K. A porcentagem de saturação por bases (V) foi mensurada pela razão entre a soma das bases trocáveis (SB) multiplicada por 100, com o valor de T. Os teores totais de carbono (C), nitrogênio (N) e enxofre (S) foram determinados em analisador Flash EA 1112 (Thermo Finningan Itália, Milan, Itália). A quantidade de íons na solução do solo foi determinada por condutividade elétrica (CE), medida em condutivímetro. Os dados químicos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) utilizando-se o programa Statistica 7.0 (Statsoft Inc.) e as médias comparadas pelo teste Tukey ($p \leq 0,05$).

2.2.4 Fracionamento da Matéria Orgânica do Solo

O fracionamento da Matéria Orgânica dos solos amostrados (MOS) foi realizado de acordo com a metodologia baseada na solubilidade diferencial das substâncias húmicas proposta por Swift (1996) e modificada por Silva e colaboradores (2009). Uma alíquota de 5 g de solo seco, sem raízes e peneirado em malha de 2 mm de abertura, foi submetida à agitação em 50 mL de solução NaOH 0,1 N e depois centrifugada por 30 minutos a 10.000g. O sobrenadante das

amostras foi coletado, adicionou-se HCl 6 M até atingir pH entre 1-2 e deixou-se em repouso por 12-16 horas para decantação. Separou-se a solução não precipitada (ácidos fúlvicos) da solução precipitada (ácidos húmicos) por centrifugação a 10.000 g por 30 min. As amostras de ácidos fúlvicos (AF) e húmicos (AH) foram transferidas para frascos de vidro previamente numerados e com massa conhecida e foram secas em estufa a 45°C até a massa constante. Posteriormente, as amostras foram pesadas e transferidas para cadinhos de porcelana previamente calcinados, numerados e com massa conhecida, e foram deixados em mufla a 600°C, por 4 horas, para a determinação do teor de cinzas.

Através da diferença de massa dos frascos contendo AH e AF com os mesmos frascos vazios, e pela porcentagem de AH e AF que foi estimada pela subtração do teor de cinzas das amostras, foram obtidos a massa de AF e AH. A partir desses valores de massa, foram calculadas a massa de humina e a razão AH/AF. A humina foi calculada subtraindo-se a massa dos AF e AH da massa do carbono orgânico das amostras de solo. Os dados do fracionamento da MOS foram submetidos à análise de variância (ANOVA) utilizando-se o programa STATISTICA 7.0 (Statsoft Inc.) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($P < 0,05$).

2.2.5 Carbono e nitrogênio da biomassa microbiana do solo

Um dos métodos mais utilizados para a análise da biomassa microbiana do solo (BMS) é o método de fumigação-extração (FE), proposto por Vance e colaboradores (1987), que consiste na extração do carbono da biomassa liberado do solo pela ação do clorofórmio, um agente fumigante. Segundo Vance e colaboradores (1987), a biomassa microbiana é proporcional ao aumento de carbono orgânico que se torna extraível do solo após a fumigação.

O método FE foi utilizado para a extração do carbono (C) e do nitrogênio (N) da biomassa microbiana do solo BMS. De cada amostra de solo, foram retiradas duas subamostras de 10 g cada, que foram transferidas para frascos de vidro. A umidade do solo foi corrigida para 60% da capacidade máxima de retenção de água. Uma das subamostras sofreu fumigação com clorofórmio (CHCl_3), livre de etanol, por um período de 24 horas, e a outra subamostra não sofreu fumigação (controle).

Ambas as subamostras foram submetidas à extração do C e N com 40 mL de K_2SO_4 ($0,5 \text{ mol L}^{-1}$), sob agitação a 180 rpm por 30 minutos. As suspensões foram filtradas com papel de filtro qualitativo nº 42.

2.2.5.1 Carbono da biomassa microbiana do solo

O carbono da BMS foi determinado utilizando-se o método de fumigação e extração (VANCE; BROOKES; JENKINSON, 1987). O carbono orgânico contido no filtrado foi determinado por oxidação com dicromato de potássio $66,7 \text{ mmol L}^{-1}$ ($K_2Cr_2O_7$) em meio fortemente ácido e titulação com $Fe (NH_4)_2(SO_4)_2 \cdot 6H_2O$ ($33,3 \text{ mmol L}^{-1}$), na presença do indicador difenilamina sulfonato de bário (1%). O cálculo do carbono da biomassa microbiana foi efetuado por meio da fórmula: $C_{\text{biomassa}} = (C_f - C_{nf})/k_c$, sendo C_f (C da subamostra fumigada, em mg kg^{-1}), C_{nf} (C da subamostra não fumigada, em mg kg^{-1}) e k_c (fator de correção 0,4) (ROSCOE et al., 2006). Os resultados foram expressos em mg C por quilograma de solo seco.

2.2.5.2 Nitrogênio da biomassa microbiana do solo

O nitrogênio da biomassa microbiana foi mensurado pelo método do N-reativo-de-ninidrina (JOERGENSEN; BROOKES, 1990). Foram preparadas soluções padrão de leucina, em K_2SO_4 0,5M, nas seguintes concentrações: 25, 50, 100, 150, 250 e 500 μM . Em tubos de ensaio, foram adicionados o extrato filtrado (100 μL), o tampão ácido cítrico (235 μL) e o reagente de ninidrina (165 μL). Os tubos de ensaio foram mantidos em banho-maria por 25 minutos, com temperatura próxima a 100°C . A solução foi resfriada em temperatura ambiente e, após o resfriamento, foram adicionados 675 μL de solução água:etanol na relação 1:1. Após a homogeneização, procedeu-se à leitura em espectrofotômetro, ajustado para o comprimento de onda de 570 nm. A curva analítica foi obtida através da leitura das soluções padrão de leucina.

Através da regressão linear dos dados referentes à curva analítica, obteve-se a equação da reta: $A = (\epsilon' b')c + b$. Nesta equação, "A" corresponde à absorvância, ϵ' corresponde ao coeficiente de absortividade molar do complexo nitrogênio-ninidrina,

b' corresponde ao caminho ótico ($b=1$ cm), enquanto c corresponde à concentração em micromol/L ($\mu\text{mol/L}$).

A concentração de nitrogênio reativo à ninidrina foi calculada por meio da equação da reta para amostras fumigadas e não fumigadas, a partir dos valores das leituras de absorvância (A). Posteriormente, subtraíram-se os valores de nitrogênio reativo à ninidrina, calculado para as amostras não fumigadas, dos respectivos valores obtidos para as amostras fumigadas, obtendo-se a concentração em micromol/L. Finalmente, transformou-se o valor em micromol/L e o resultado final foi expresso em massa de nitrogênio da biomassa microbiana por grama de solo seco ($\mu\text{g/g}$ de solo seco). Os dados relacionados ao C e N da biomassa microbiana do solo foram analisados usando procedimentos de modelagem de rede neural.

2.2.6 Processamento das amostras pelo método dependente de cultivo

Esta etapa foi realizada no laboratório de Sistemática e Ecologia de Fungos da Universidade Federal de Lavras – UFLA, pela mestranda Cintya Souza.

2.2.6.1 Lavagem de solo e cultivo de partículas

Para o isolamento de fungos do solo, as amostra de solo foram secas em temperatura ambiente, peneiradas em malha de 2 mm e, posteriormente, processadas de acordo com o método de lavagem e filtração de partículas combinado com o uso de meios de cultura específicos contendo antibióticos (PFENNING; ABREU, 2006). Alíquotas de 10 g de cada amostra de solo foram suspensas em 200 mL de água destilada. A suspensão foi submetida à agitação por 10 minutos, a 180 rpm. Após a decantação das partículas de solo, o sobrenadante foi drenado e a operação de pré-lavagem repetida duas vezes. As partículas pré-lavadas foram transferidas para um conjunto de peneiras com diâmetros de abertura de malha de 1,0; 0,7 ;0,5 e 0,21 mm e filtradas com auxílio de um jato de água destilada. Agregados estáveis e partículas de areia foram retirados da peneira de menor abertura de malha e secos, em papel de filtro esterilizado, em câmara de fluxo laminar. Após a secagem, as partículas foram transferidas, em número de 7

partículas por placa, para 4 placas de Petri (para cada uma das 30 amostras de solo de cada área de coleta) contendo o meio CMA (corn meal agar, filtrado de fubá de milho cozido e ágar) mais 50 mg/L de cloranfenicol (Sigma-Aldrich) e 50mg/L de sulfato de estreptomicina (Vetec – Química Fina), para inibição do crescimento de bactérias. As placas foram incubadas a 20°–25°C e analisadas diariamente para a verificação da ocorrência de crescimento micelial. Após o crescimento, as UFCs que cresceram nas partículas de solo foram transferidas placas de Petri contendo meio extrato de malte Agar.

2.2.6.2 Identificação e preservação dos isolados

A contagem de Unidades Formadoras de Colônia (UFCs) e sua identificação inicial foram realizadas em microscópio estereoscópico. Foram feitas preparações microscópicas para visualização da morfologia dos fungos isolados em microscópio. A frequência de colonização das placas de Petri por espécie de fungo foi registrada para utilização nas análises quantitativas. Para a identificação das espécies, foram consultados manuais de identificação, como, por exemplo, Ellis (1971, 1976), Domsch et al. (2007), Pitt (2000).

O material de referência de cada espécie identificada foi preservado em microtubos de poliestireno e, posteriormente, preservado pelo método de Castellani, no qual blocos de ágar contendo o micélio fúngico são submersos em água destilada estéril.

Os números de UFCs, espécies e gêneros de fungos identificados foram submetidos à análise de variância, e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($P \leq 0,05$), utilizando o programa Statistica 7.0 (Statsoft Inc.).

A relação entre as espécies de fungos e as amostras de solo foi determinada através de análise de correlação (CA). As espécies de fungos de 0,5 a 100% frequência em relação ao número total de UFCs foram submetidas à análise de correspondência canônica (CCA), juntamente com as variáveis ambientais (atributos químicos, dados de pluviosidade e frações da matéria orgânica do solo). Para inferir a significância do efeito de cada fator ambiental (valor p) na composição das espécies nas amostras, foi usado o teste de permutação de Monte Carlo, com 999

permutações. As análises CA e CCA foram escolhidas de acordo com o resultado do obtido na análise de gradiente indireto, e foram realizadas utilizando-se o programa Canoco for Windows 4.5.

2.2.6.3 Índices de Diversidade de espécies de fungos

A riqueza de espécies (S) foi calculada pela soma do número de espécies identificadas dentro de cada amostra. O índice de diversidade de Simpson ($1 - \sum p_i^2$) e o índice de Diversidade de Shannon ($H' = -\sum p_i (\log_e(p_i))$) foram calculados para cada amostra, sendo que p_i é a abundância relativa de cada espécie de fungo. O índice de diversidade de Simpson normalmente é proposto pelo cálculo " $\sum p_i^2$ ". Porém, esse índice varia de 0 a 1 e mostra a probabilidade de que dois indivíduos aleatórios de uma mesma população pertençam à mesma espécie. Se a probabilidade é alta, então a diversidade da comunidade da amostra é baixa. Para simplificar os resultados, calcula-se " $1 - \sum p_i^2$ " ou "1-D" e assim tem-se um resultado do valor do índice diretamente proporcional à diversidade. Logo, se o valor do índice for alto, o valor de "1-D" será alto. A Equilabilidade dos dados ou Evenness (E) foi calculada pela razão da diversidade de Shannon com a riqueza de espécies de fungos ($H'/\log_c(S)$).

2.2.7 Processamento das amostras através de métodos moleculares

2.2.7.1 Extração de DNA ambiental

O DNA total (metagenômico) das amostras de solo foi extraído utilizando-se kit Power Soil DNA, MoBio (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA), de acordo com as instruções do fabricante. A integridade do DNA foi determinada por eletroforese em gel de agarose 1% em tampão TAE, depois de corado com "Sybr Green" (GE Healthcare, São Paulo, Brasil).

2.2.7.2 Amplificação da região ITS do rRNA através de PCR

A região ITS do rDNA foi amplificada por nested PCR utilizando-se o DNA metagenômico extraído e os seguintes iniciadores: primeira reação: EF4 (5'-AAGGG[G/A]TGTATTTATTAG-3') (SMIT et al., 1999) e ITS4 (5'-CAGGAGACTTGTACACGGTCCAG-3') (WHITE et al., 1990) e para a segunda reação: ITS1-F-GC (5' CCC CCG CCG CGC GCG GCG GGC GGG GCG GGG GCA CGG GCC G CTTGGTCATTAGAGG AGTAA 3') (GARDES; BRUNS, 1993) e ITS2 (5' GCTGCGTTCTTCATCGATGC 3') (ANDERSON; CAMPBELL.; PROSSER, 2003). A reação de PCR foi feita com 25ng do DNA metagenômico, 10pmol de cada um dos iniciadores, 2,5mM de MgCl₂, 10x buffer [10nM Tris-HCl (pH9.0), 50mM KCl, 0,1% Triton R X-100], 200 mM de cada dNTP (dATP, dCTP, dGTP,dTTP) e 1,5 U Taq DNA polymerase (Fermentas). As condições de amplificação para a primeira PCR foram: 94°C por 5 min, seguidos de 34 ciclos de 94°C por 5 min, 55°C por 30 seg, 72°C por 1 min e 30 seg, com extensão final de 72°C por 5 min. Para a segunda PCR: 94°C por 5 min, seguidos de 34 ciclos de 94°C por 30 seg, 55°C por 30 seg, 72°C por 30 seg, com extensão final de 72°C por 5 min. A quantificação dos amplicons resultantes foi feita por eletroforese em gel de agarose 1,0 % em tampão TAE. Como padrão de tamanho do fragmento de DNA, foi utilizado o marcador Low DNA Mass Ladder (Invitrogen).

2.2.7.3 Separação dos amplicons das regiões ITS por DGGE

Os amplicons das regiões ITS (aproximadamente 200 ng de cada amostra) foram separados por Eletroforese em Gel com Gradiente Desnaturante (DGGE). A eletroforese realizada no sistema Phor-U2 (Ingeny, Goes, Holanda), com gradiente desnaturante variando de 30 a 50% de desnaturação, onde 100% de desnaturação equivale a 7 M de uréia e 40% de formamida. Os géis foram submetidos à eletroforese por 16 horas a 100 V. O DNA foi corado com "Sybr Green" (Invitrogen, São Paulo, Brasil) e a imagem dos géis obtida através de densitômetro Storm 845 (GE Healthcare, Waukesha, Wisconsin, USA).

A similaridade entre as estruturas de comunidades de fungos foi determinada com base na presença ou ausência de amplicons determinada após DGGE com o programa “Diversity Database” (BioRad, Hercules, CA, USA). Os dados binários obtidos foram analisados utilizando o programa Canoco for Windows 4.5. Através do resultado obtido na análise de gradiente indireto, optou-se pela análise de redundância canônica (RDA), que foi realizada com os dados de espécies identificadas, amostras de solo e fatores ambientais. A significância (valor p) dos fatores ambientais na distribuição das amostras foi determinada pelo teste de permutação de Monte-Carlo, realizando-se 999 permutações aleatórias.

2.2.7.4 Pirosequenciamento

Esta etapa foi realizada no Fungal Ecology Lab, Division of Biology, da Kansas State University – KSU.

2.2.7.4.1 Amplificação por PCR para sequenciamento

Uma alíquota do DNA metagenômico das amostras de solo, extraído através do kit Power Soil DNA, MoBio (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA), foi quantificada por espectrofotometria, utilizando-se um espectrofotômetro NanoDrop ND1000 (NanoDrop Technologies, Wilmington, DE, USA). A concentração final foi ajustada para $2,5 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$.

A sequência de bases da região ITS de fungos (ITS) foi determinada por sequenciamento massivo paralelo (MPS), usando iniciadores contendo a sequência do iniciador do MPS (MARGULIES et al., 2005), um segmento marcador de 5 pb para identificação das amostras após o sequenciamento, e iniciadores ITS1F ou ITS4 (GARDES; BRUNS, 1993), como descrito por Jumpponen e Jones (2009).

Para permitir sequenciamento simultâneo, os iniciadores foram selecionados, de um total de 96 iniciadores sintetizados, através de um teste com *Saccharomyces cerevisiae* (ascomicetos). Após a otimização da concentração das 90 amostras de DNA, a região ITS das amostras de DNA foi amplificada por PCR em reações de 50 μL cada. Os amplicons produzidos continham sequências de DNA das regiões

ITS 1 e ITS 2 e do gene rRNA 5,8S. Cada amostra foi amplificada em três reações separadas, como replicações técnicas, resultando em uma amplificação heterogênea de uma mesma amostra ambiental. Cada reação continha: 200 nM de cada um dos iniciadores “forward” e “reverse”, 5 ng de DNA, 200 µM de cada deoxinucleotideo trifosfato, 2,5 mM MgCl₂, 1 unidade de Taq DNA polimerase (Promega, Madison, WI, USA) e 5 µL de tampão de PCR. A amplificação foi feita com uma desnaturação inicial a 94°C por 2 minutos, 25 ciclos de desnaturação a 94°C por um minuto, anelamento a 57°C por 1 minuto e extensão a 72 °C por 2 minutos, seguida por um passo final de extensão a 72°C por 8 minutos. Todas as amplificações foram realizadas em placas de 96 poços em um termociclador Master Cycler (Eppendorf, Hamburg, Germany). A possível amplificação de contaminantes foi determinada utilizando-se um controle negativo de amplificação pela adição de água esterilizada ao invés da solução de DNA na reação. Os controles negativos permaneceram livres de amplificação.

Alíquotas de 20 µL da replicação técnica de cada amostra foram misturadas e purificadas usando-se o sistema magnético de purificação de PCR AmPure SPRI (AgentCourt Bioscience, Beverly, MA, EUA). Este kit foi selecionado porque discrimina fragmentos menores de 100 pb em comprimento e elimina efetivamente dímeros de iniciadores que excedem 40 pb em comprimento. Um passo adicional de purificação foi realizado pela precipitação de impurezas em isopropanol a -20°C (overnight), centrifugação e eluição do sobrenadante em 50 µL de água pura. Os produtos de PCR puros foram novamente quantificados por espectrofotometria, utilizando-se o espectrofotômetro NanoDrop ND1000. Para o sequenciamento, foram colocados no mesmo tubo 50 ng de cada amostra de DNA. Os produtos de PCR misturados foram submetidos à eletroforese em gel de agarose com baixo ponto de fusão (1,5%) e extraídos com o kit AxyPrep™ DNA Gel Extraction (Axygen, USA). A concentração dos produtos de PCR foi então ajustada para 10 ng µL⁻¹. O conjunto de produtos de PCR foi sequenciado em 1/4 de uma placa de sequenciamento no sequenciador GS FLX (454 Life Sciences, Branford, CT, USA), no laboratório Integrated Genomics Facility Department of Plant Pathology, Kansas State University, Manhattan, KS, EUA.

2.2.7.4.2 Bioinformática e designação das unidades taxonômicas operacionais (UTOs)

As sequências foram processadas pelo pipeline PyroTagger para o controle de qualidade das mesmas e a determinação das UTOs de fungos (mais de 97% de similaridade) (KUNIN; HUGENHOLTZ, 2010). Os amplicons menores que 360 pb, ou com bases ambíguas, ou sem as sequências de iniciadores ou DNA marcador foram eliminados da análise. Todas as UTOs singletons foram excluídas das análises subsequentes, segundo Tedersoo e colaboradores (2010). Após o agrupamento das sequências, um representante de cada UTO “não singleton” foi manualmente atribuído aos táxons filo, ordem, família, gênero e espécie, com base na melhor correspondência do BLASTn (ZHANG et al. 2000), após a filtragem dos acessos que foram selecionados como sequências ambientais ou fungos não-cultiváveis. Apenas os 10 melhores hits do BLASTn foram considerados na análise.

2.2.7.4.3 Índices de Diversidade

A riqueza de UTOs (S) foi calculada pela soma do número de UTOs dentro de cada amostra. O índice de diversidade de Simpson ($1 - \sum p_i^2$) e o índice de Diversidade de Shannon ($H' = -\sum p_i (\log_e(p_i))$) foram calculados para cada amostra, sendo que p_i é a abundância relativa de cada UTO. A Equilabilidade (E) foi calculada pela razão da diversidade de Shannon com a riqueza de UTOs ($H'/\log_c(S)$). Curvas de acumulação de espécies (rarefação) foram geradas usando os programas EstimateS (versão 8; COLWELL, 2006) e PRISM (versão 5, GraphPad Software, Inc., MOTULSKY, 2007) para cada área amostrada.

2.2.7.4.4 Frequência de UTOs

Para identificar táxons, foram usados dois tipos de análises. Primeiro, todas as UTOs que ocorreram em mais de 20% das amostras (16 ocorrências entre 86 amostras do experimento inteiro) e que foram representadas por mais de 100 sequências, foram analisadas para o efeito das épocas de coleta usando o

programa estatístico JMP 7.0.1 (SAS Institute). Segundo, um representante de cada UTO (não singleton) recebeu a atribuição dos táxons, como descrito anteriormente, baseando-se nos melhores resultados do BLAST (ZHANG et al., 2000) e informações de linhagem disponível para cada acesso.

2.2.7.4.5 Análises estatísticas

A análise estatística realizada com as três áreas amostradas apresentou números diferentes de sequências em cada área. Para garantir a normalidade dos dados, as três áreas foram analisadas separadamente. As áreas EEA e PEIC não apresentaram normalidade nos dados de diversidade de Simpson (1-D) e Equitabilidade (Evenness - E), respectivamente. Para garantir a normalidade, foram omitidas as amostras que excederam em $\pm 2DP$ (desvio padrão da média) nos dados relativos a 1-D (EEA) ou de E (PECB). Com isso, duas amostras da EEA, coletadas na época de alta pluviosidade e uma amostra da época de baixa pluviosidade, todas coletadas sob a projeção da copa de *Cabralea canjerana*, foram omitidas. Adicionalmente, uma amostra coletada sob a projeção da copa de *Guapira opposita*, do PEIC, foi omitida porque não gerou nenhuma sequência.

As respostas foram analisadas usando a análise de variância ANOVA com medidas repetidas em um modelo de interação “entre sujeitos”, usando a variável “épocas” e “espécies de árvores (épocas)” para calcular em conjunto os efeitos das épocas de coleta e espécies de árvores sob as quais as amostras de solo foram coletadas.

Os dados referentes às comunidades de fungos do solo foram analisados com o programa PC-ORD (v.4.1, McCUNE; MEFFORD, 1999) para examinar diferenças na comunidade de fungos de cada área amostrada, em diferentes épocas. Distâncias Pairwise foram estimadas usando o índice de Sørensen (Bray Curtis) e analisadas usando-se a análise multivariada de escalonamento multidimensional não-métrico (NMS; MATHER, 1976) para evitar questões decorrentes da não normalidade potencial em cada conjunto de dados. O número ótimo de dimensões (k) foi selecionado baseando-se no teste Monte Carlo de significância em cada nível de dimensionalidade, comparando-se 40 corridas com

dados empíricos contra 50 corridas aleatórias. O número de dimensões ótimas variou entre as diferentes áreas amostradas ($k=2$ para PECB e PEIC, $k=3$ para EEA) e as análises foram realizadas para estes níveis ótimos. Para determinar diferenças, os escores de NMS foram analisados usando ANOVA, como descrito anteriormente.

2.2.8 Análise dos dados pela rede neural

Os dados resultantes de todas as análises (atributos químicos do solo, frações da matéria orgânica do solo, carbono do nitrogênio da biomassa microbiana do solo, e índices de diversidade de fungos isolados pelo método de cultivo e de UTOs obtidas pelo método independente de cultivo) foram analisados usando procedimentos de modelagem de rede neural, gerados pelo programa Synapse (Peltarion Inc.).

Dois tipos de modelos de rede neural artificial foram usados para analisar os dados. Um deles é chamado mapa auto-organizável de Kohonen (SOM), que permite a visualização da similaridade entre as variáveis analisadas. O outro é um modelo que prediz a relação entre variáveis de entrada e de saída selecionadas a partir do SOM.

O modelo SOM consiste de duas camadas: uma camada de entrada, que tem nós representando cada variável de entrada, e uma camada de saída (mapa de Kohonen) que é um arranjo bidimensional de neurônios (Figura 5). As camadas de entrada e saída são ligadas por funções matemáticas entre cada nó em cada camada. O modelo computacional usa dados de entrada selecionados aleatoriamente (unidades de amostras) e calcula a distância entre o dado de entrada e cada nó na camada de saída. O programa usa uma fase de ordenação e uma fase de ajuste para agrupar todas as variáveis que variam de maneira similar. O mapa resultante contém hexágonos codificados por cores ou sombreados que representam variáveis bióticas ou abióticas, áreas de amostragem e outras informações de entrada. O resultado é representado por uma “matriz-U” ou matriz unificada. Cada um dos componentes pode ser exibido separadamente e

comparado visualmente para examinar suas relações de grupamento com todas as outras variáveis.

Figura 5 – Mapa auto-organizável de Kohonen ilustrando seus componentes; uma camada de entrada onde as entradas se referem às variáveis de qualidade do solo, uma camada competitiva que dá peso às variáveis similares e faz combinações entre as mesmas, e um mapa com as variáveis agrupadas (Figura adaptada de CROWLEY; PINEDA; BAQUIRAN, 2009).

O segundo tipo de modelo de rede neural artificial utilizado usa as variáveis de entrada selecionadas a partir do SOM de Kohonen para prever uma ou mais variáveis de saída. O modelo é testado usando uma porção aleatória do conjunto de dados para um número específico de ciclos em que o programa analisa o erro entre os valores verdadeiros e preditos e ajusta os pesos das funções matemáticas. São gerados então intervalos de confiança para a validação dos dados. Na fase pós-processamento, é possível examinar o efeito de variáveis individuais ou combinações de variáveis nas variáveis de saída selecionadas. Desta maneira, a resposta de uma variável de saída em relação a fatores selecionados pode ser representada através de curvas.

As curvas de predição da relação dos dados de entrada e saída foram geradas pelo programa Sigma Plot v.10 (Systat Software Inc 2006).

2.3 Resultados e discussão

2.3.1 Análise química do solo e fatores ambientais

Com exceção de Ca e V, todos os demais atributos químicos do solo apresentaram diferenças estatísticas significativas ($p \leq 0,05$) entre as amostras analisadas, principalmente em relação às áreas de coleta (Tabelas 1 e 2). Por outro lado, os valores das variáveis P, CE, C e S apresentaram diferenças significativas tanto em relação aos parques quanto às épocas de coleta, sendo que o PECB e a época de baixa pluviosidade apresentaram os maiores valores para os dois primeiros atributos e também para o S e a época de alta pluviosidade, os maiores valores de C (PECB e PEIC).

Não foram observadas diferenças significativas nos valores dos atributos químicos do solo em relação às espécies de árvores sob as quais as amostras de solo foram coletadas (Tabela 3). Por isso, foram apresentadas em tabela somente as médias dos valores obtidos em relação às áreas e épocas de coleta.

Foram detectados apenas traços de S no solo na época de alta pluviosidade, e este foi também detectado em pequena porcentagem, porém significativamente maior, na época de baixa pluviosidade. Provavelmente, no período de alta pluviosidade pode ter ocorrido lixiviação do enxofre na forma de SO_4^{-2} da camada superior para camadas inferiores do solo.

Os solos apresentaram pH baixo (pH 3,5 em média) e com valores médios de 37 g dm^{-3} de matéria orgânica. Os baixos valores de pH de solos florestais podem estar relacionados à decomposição de matéria orgânica presente na camada superficial do solo. O elevado teor de matéria orgânica se deve ao acúmulo e decomposição de liteira que ocorre intensamente nesse tipo de ambiente.

Dentre as unidades de Mata Atlântica amostradas, a EEA apresentou os menores teores de MO, Mg, H+Al, SB, T, C e P, sendo esta a área que mais diferiu estatisticamente das demais, com base nos atributos químicos do solo. O solo desta unidade de Mata Atlântica é do tipo Latossolo Vermelho Distrófico, caracterizado pela reduzida capacidade de troca de cátions, em função da maior presença de minerais do tipo 1:1 na fração argila (RESENDE et al., 2002). Este fato explica os

menores valores de Mg, H+Al para o solo da EEA, pois o valor de T é resultante da soma desses dois elementos com o K e o Ca.

Por outro lado, o solo das parcelas permanentes do PECB apresentaram altos níveis de matéria orgânica, o que pode ter causado aumento na capacidade de troca de cátions (T) e de K, Ca e Mg (RESENDE et al., 2002).

A condutividade elétrica do solo está diretamente relacionada com a salinidade. Apesar de as amostras de solo do PEIC terem sido coletados em uma ilha, onde está sob a influência do mar, a maior salinidade foi observada nas amostras do PECB e também na época de baixa pluviosidade. A CE dos solos não foi maior do que $0,55 \text{ dS m}^{-1}$. Essa condutividade é relativamente baixa, pois o limite para considerar um solo salino é 4 dS m^{-1} . A maior salinidade dos solos do PECB pode estar relacionada à evapotranspiração, que aumenta a quantidade de sais no solo e na água de superfície ou por deficiência na drenagem do solo (SPARKS, 2003). Os maiores valores de CE na época de baixa pluviosidade podem ser explicados pelo maior acúmulo de sais no solo em comparação à época de alta pluviosidade, quando os sais podem ser lixiviados em decorrência das chuvas.

Os dados referentes à pluviosidade e temperatura das áreas de coleta foram obtidos no website Ciiagro (<http://www.ciiagro.sp.gov.br/ciiagroonline/>). A partir dos dados semanais de temperatura e pluviosidade dos municípios de Assis, Sete Barras e Cananéia foram inferidos dados médios desses fatores para a EEA, o PECB e o PEIC, respectivamente, considerando-se os valores de quatro semanas antecedentes à coleta (Tabela 3).

A coleta das amostras de solo foi realizada em duas épocas, de baixa (Julho-Agosto 2008, 2009) e alta (Fevereiro-Março 2009) pluviosidade. Porém, como pode ser observado na Tabela 3, nos meses em que normalmente ocorre baixa pluviosidade (Julho-Agosto), a precipitação no PEIC foi quase duas vezes maior do que na época considerada de alta pluviosidade. Segundo uma reportagem publicada no website Climatempo (<http://www.climatempo.com.br/destaques/2009/07/25/sao-paulo-chuva-de-julho-2009-e-recorde/>), a pluviosidade no Estado de São Paulo no mês de julho de 2009 é inédita desde 1976, quando foram observados 153 mm. A média para a época normalmente é de aproximadamente 40 mm, de acordo com medições do Inmet – Instituto Nacional de Meteorologia. Apesar desses valores inesperados, as amostras

coletadas no PEIC em julho de 2009 foram consideradas como sendo da época de baixa pluviosidade.

Tabela 1 - Valores médios dos atributos químicos do solo de cada área de coleta, nas duas épocas de amostragem

Atributo	EEA		PECB		PEIC	
	AP	BP	AP	BP	AP	BP
pH	3,78 ^a	3,67 ^a	3,71 ^a	3,72 ^a	3,16 ^b	3,17 ^b
MO (g.dm⁻³)	18,40 ^b	18,33 ^b	42,13 ^a	44,33 ^a	51,73 ^a	47,07 ^a
P (mg.dm⁻³)	5,20 ^{b,c}	6,47 ^{b,c*}	13,47 ^a	20,47 ^{a*}	8,13 ^{a,b}	17,87 ^{a,b*}
K (mmolc.dm⁻³)	0,79 ^b	0,99 ^b	2,30 ^a	2,68 ^a	1,06 ^b	1,27 ^b
Ca (mmolc.dm⁻³)	2,80 ^a	2,73 ^a	5,60 ^a	6,93 ^a	2,93 ^a	9,67 ^a
Mg (mmolc.dm⁻³)	1,80 ^b	2,13 ^b	4,47 ^a	5,33 ^a	2,73 ^a	4,87 ^a
H+Al (mmolc.dm⁻³)	53,00 ^b	59,13 ^b	124,00 ^a	120,93 ^a	119,27 ^a	111,20 ^a
SB (mmolc.dm⁻³)	5,39 ^b	5,86 ^b	12,37 ^a	14,95 ^a	6,73 ^b	15,81 ^a
T (mmolc.dm⁻³)	58,39 ^b	64,99 ^b	136,37 ^a	135,88 ^a	125,99 ^a	127,01 ^a
CE (dS.m⁻¹)	0,09 ^b	0,15 ^{b*}	0,34 ^a	0,55 ^{a*}	0,18 ^b	0,17 ^{b*}
V (%)	8,87 ^a	8,93 ^a	9,60 ^a	11,27 ^a	5,87 ^a	12,33 ^a
N (%)	0,11 ^b	0,18 ^b	0,37 ^a	0,59 ^a	0,18 ^b	0,18 ^b
C (%)	1,75 ^{b*}	1,95 ^b	4,35 ^{a*}	3,61 ^a	4,48 ^{a*}	1,95 ^a
S (%)	0,00 ^b	0,01 ^{b*}	0,00 ^a	0,08 ^{a*}	0,00 ^b	0,01 ^{b*}

Os valores correspondem à Média de 15 repetições

Letras iguais dentro da mesma linha não diferem significativamente pelo teste de Tukey (p≤0,05)

*Apresenta diferença significativa em relação à época

AP – alta pluviosidade, BP – baixa pluviosidade

SB – soma de bases trocáveis (Ca, Mg, K, H+Al)

T – capacidade de troca catiônica total

CE- condutividade elétrica

V – porcentagem de saturação por bases

Tabela 2 – Valores de p no teste de F dos atributos químicos do solo em cada época, espécie arbórea e área amostrada

Atributos	Épocas	Espécies	Áreas
pH	0,6500	0,2029	0,0000*
MO (g.dm ⁻³)	0,8352	0,2628	0,0000*
P (mg.dm ⁻³)	0,03665*	0,0966	0,0049*
K (mmolc.dm ⁻³)	0,1497	0,3056	0,0000*
Ca (mmolc.dm ⁻³)	0,1527	0,2609	0,2057
Mg (mmolc.dm ⁻³)	0,0654	0,0550	0,0001*
H+Al (mmolc.dm ⁻³)	0,8786	0,1009	0,0000*
SB (mmolc.dm ⁻³)	0,1004	0,1537	0,0217*
T (mmolc.dm ⁻³)	0,8358	0,1657	0,0000*
CE (µS.cm ⁻¹)	0,0312*	0,4318	0,0000*
V (%)	0,1160	0,0831	0,7398
N (%)	0,5516	0,9043	0,0000*
C (%)	0,0148*	0,8958	0,0000*
S (%)	0,0011*	0,4839	0,01368*

*Apresentam diferenças significativas (Teste de Tukey $\leq 0,05$)

Tabela 3 - Valores referentes à temperatura média e pluviosidade nas áreas de coleta, durante as duas épocas de amostragem

Atributo	EEA		PECB		PEIC	
	AP	BP	AP	BP	AP	BP
Precipitação (mm)	231,9	176,2	243,8	90,5	82,7	159,6
Temperatura (°C)	24	17	27	21	25	18

AP- alta pluviosidade, BP – baixa pluviosidade

2.3.2 Fracionamento da Matéria Orgânica do Solo

Baseando-se na solubilidade em ácidos e álcalis, as substâncias húmicas podem ser divididas em três frações principais: ácidos húmicos (AH), que são solúveis em álcali e insolúveis em ácido; ácidos fúlvicos (AF), que são solúveis em álcali e ácido e huminas, que são insolúveis em álcali e ácidos.

O fracionamento quantitativo da Matéria Orgânica do Solo (MOS) permitiu estimar a quantidade de AF e AH presentes nas substâncias húmicas (SH) de cada amostra, assim como calcular, pela subtração do valor do carbono orgânico, AH e AF, a quantidade de humina nas amostras de solo. A Tabela 4 mostra os resultados obtidos, bem como a razão dos conteúdos de AH e AF.

Os maiores valores de AF e AH foram observados no PECB (Tabelas 4 e 5). Não houve diferenças significativas nos valores das frações de MOS em relação às épocas de coleta e espécies de árvores amostradas (Tabela 5).

Apesar dos valores de AH e AF diferirem entre as áreas amostradas, a razão AH/AF não apresentou diferenças entre as áreas. A razão AH/AF pode ser usada como indicador da qualidade das substâncias húmicas (SH), pois expressa o grau de evolução do processo de humificação da MOS (BENITES et al., 2003). Solos com altos valores de AH/AF podem estar sofrendo perda seletiva da fração mais solúvel da MOS (AF). Houve predomínio da fração AF em relação à fração AH em todas as áreas. Solos de floresta lixiviados apresentam maior proporção de ácidos fúlvicos (HORWATH, 2007). O predomínio de AF, em relação aos ácidos húmicos, também pode ser um indicativo de que a matéria orgânica não está em estágio avançado de decomposição. De acordo com Zech e colaboradores (1997), a intensificação do processo de humificação leva ao aumento da fração AH pelo enriquecimento das SH em estruturas aromáticas, condensadas e recalcitrantes.

Todas as amostras de solo apresentaram maior teor de humina, em comparação com as outras frações da MOS. Segundo Guerra e Santos (1999), a humina representa cerca de 30 a 80% do carbono orgânico total do solo, também composto pelas frações de ácidos fúlvicos, ácidos húmicos. Estas frações interagem com o material mineral e interferem nas propriedades físicas e biológicas do solo.

Tabela 4 – Valores médios da concentração de ácidos fúlvicos (AF), ácidos húmicos (AH), humina e da razão AF/AH presentes no solo de cada área de coleta (EEA, PECB e PEIC), nas épocas de alta (AP) e baixa pluviosidade (BP)

Frações	EEA		PECB		PEIC	
	AP	BP	AP	BP	AP	BP
C Total	10,5625 ^b	10,5243 ^b	24,1867 ^a	25,4496 ^a	29,6976 ^a	27,0187 ^a
AH	0,3969 ^b	0,5928 ^b	0,9990 ^a	1,2471 ^a	0,7524 ^b	0,2514 ^b
AF	0,9826 ^b	1,8356 ^b	2,3049 ^a	2,1132 ^a	0,5859 ^c	0,7195 ^c
AH/AF	0,4559 ^a	1,0040 ^a	0,4535 ^a	0,6239 ^a	1,0381 ^a	0,8735 ^a
Humina	9,1829 ^c	8,0958 ^c	20,8827 ^b	22,0893 ^b	28,3592 ^a	26,0477 ^a

Valores em g 100g solo⁻¹

Os valores correspondem à Média de 15 repetições

Letras iguais dentro da mesma linha não diferem significativamente pelo teste de Tukey (p≤0,05)

Tabela 5 – Valores de p no teste de F dos ácidos fúlvicos (AF), ácidos húmicos (AH), humina e da razão AF/AH do solo em cada época, espécie arbórea e área amostrada

Frações	Épocas	Espécies	Área
C Total	0,8352	0,2628	0,0000*
AH	0,8920	0,6215	0,0000*
AF	0,3194	0,9351	0,0000*
AH/AF	0,2358	0,5543	0,0880
Humina	0,7565	0,2625	0,0000*

*Apresentam diferenças significativas (Teste de Tukey ≤ 0,05)

2.3.3 Processamento das amostras pelo método dependente de cultivo

2.3.3.1 Caracterização das espécies de fungos isoladas

Foram analisadas 420 partículas de solo de cada área de coleta, para cada época, totalizando 840 partículas de solo para cada área. Ao todo, foram recuperadas 1.829 unidades formadoras de colônias (UFCs) a partir das 2.520 partículas de solo (Tabela 6). Deste total, 68 (3,72%) não produziram estruturas reprodutivas e foram denominadas micélios estéreis, permanecendo sem classificação. As 1.761 UFCs remanescentes produziram estruturas reprodutivas e foram identificadas com base em suas características morfológicas.

A área PECB apresentou aproximadamente o dobro do número de isolados das demais áreas de coleta (872 UFCs). Também apresentou o maior número de espécies e gêneros de fungos. As áreas EEA e PEIC geraram 495 e 462 UFCs, respectivamente, não apresentando diferenças significativas entre si no número de UFCs (Tabela 6).

Tabela 6 - Número total de UFCs, gêneros e espécies de fungos em cada área de coleta da Mata Atlântica

Médias	EEA	PECB	PEIC
UFCs	495	872	462
Espécies	74	75	59
Gêneros	42	45	40

Considerando-se as três áreas, foram identificadas 142 espécies de fungos pertencentes a 67 gêneros, sendo 114 espécies de Ascomycota em sua fase anamórfica (80,28%), 19 espécies do filo Ascomycota em sua fase teleomórfica (13,38%) e 9 de “Zygomycota” (6,34%) (Figura 6). Foram identificadas quatro espécies de Celomicetos (2,82%) e o restante de hifomicetos (77,46%).

Os gêneros dominantes, de acordo com o número de espécies, foram, em ordem decrescente, *Penicillium*, com 28 morfoespécies; *Acremonium*, com 11

espécies; *Aspergillus*, com 6; *Umbelopsis* e *Clonostachys*, com 5 e *Chaetomium*, *Eurotium* e *Oidiodendron*, com 4 espécies cada um.

Do número total de espécies, 51 (35,9%) ocorreram como *singletons*, ou seja, apresentaram apenas um único isolado. Este padrão de distribuição de espécies contendo poucas espécies amplamente representadas e um grande número de espécies raras com poucos isolados foi reportado por vários pesquisadores em solos florestais (BILLS; POLISHOOK, 1994; BETTUCCI; ROQUEBERT, 1995; HOUSTON; VISSER; LAUTERNSCHLAGER, 1998).

Do total de espécies isoladas, 15 não puderam ser identificadas com base em marcadores morfológicos. Quatro dessas espécies apresentam características da família Clavicipitaceae, com esporulação esbranquiçada, mas cada um com características peculiares, como conidióforos cicatrizados, denticulados ou semelhantes ao gênero *Oidiodendron*, porém, sem a presença de conectivos ligando os conídios, ou mesmo semelhantes ao gênero *Trichoderma*, mas com fiálides mais finas e compridas, similar a *Tolytlocladium*. Oito espécies são fungos hifomicetos pigmentados com presença de células conidiogênicas cicatrizadas ou denticuladas, ou com características de *Scopulariopsis*, mas com colônias de coloração acinzentada e conídios com cicatrizes polares. Outra espécie apresenta conidióforos semelhantes ao gênero *Chloridium*, porém, com conídios agrupados em falsas cabeças e estruturas semelhantes a clamidósporos de formato irregular. As três espécies restantes são fungos hialinos com presença de conidiogênese tálica, similar a *Geotrichum*, ou formando apenas clamidósporos intercalares ou terminais, similar a *Humicola*.

Foram encontrados também alguns morfotipos, com destaque para isolados do gênero *Aspergillus*, que apresentaram características morfológicas que diferem das espécies já descritas. *Aspergillus* sp.2 apresentou coloração alaranjada em suas colônias, com conidióforos curtos, unisseriados e esporos lisos. *Aspergillus* sp.3 apresentou colônias de coloração rosada com alternância de conidióforos curtos e longos, odor de “terra molhada”, sendo também unisseriado e com esporos lisos.

Estes fungos encontrados e que não puderam ser identificados apenas pelas características morfológicas, a partir de chaves de identificação, podem ter sido anteriormente isolados e não constarem nos materiais de referência utilizados ou

mesmo se tratarem de novos gêneros e/ou espécies. No entanto é necessária a utilização de outras técnicas para esta confirmação.

Figura 6 – Representação do percentual de isolados de cada filo de fungos, recuperados pelo método de lavagem de solo e cultivo de partículas

2.3.3.2 Riqueza e diversidade de fungos

Apesar de ter apresentado a maior riqueza (S) de espécies de fungos, o PECB apresentou diversidade de Simpson e Shannon igual à área da EEA (Tabela 7). Por outro lado, a EEA foi a que apresentou maior Equitabilidade (E) de espécies, ou seja, a distribuição de espécies nessa área é mais homogênea que nas demais áreas. Esse resultado foi influenciado pela predominância de espécies do gênero *Penicillium* presente nesta área, com número de indivíduos aproximadamente uniforme entre as espécies. Os índices de diversidade analisados poderiam ter sido diferentes se os isolados de *Trichoderma* tivessem sido identificados até o nível de espécie, já que foi encontrado maior número de isolados deste gênero na área de PECB.

A identificação de *Trichoderma* spp. não foi realizada até a espécie, pois suas espécies são morfologicamente muito semelhantes entre si e, em geral, as diferentes espécies possuem funções ecológicas similares (METCALF; WILSON, 2001), o que já não ocorre em outros gêneros como, por exemplo, *Fusarium*, que há espécies comprovadamente patogênicas e sapróbias convivendo no mesmo habitat (DOMSCH; GAMS; ANDERSON, 2007). Não houve diferenças significativas entre

os índices de diversidade em relação às espécies arbóreas e épocas de coleta (Tabela 8).

Tabela 7 – Valores médios dos índices de Simpson (1-D), Shannon (H'), Riqueza (S) e Equitabilidade de número de isolados de fungos do solo em cada área amostrada

	EEA	PECB	PEIC
Simpson (1-D)	0,8191 ^a	0,7803 ^a	0,6967 ^b
Shannon (H')	1,9096 ^a	1,9195 ^a	1,4939 ^b
Riqueza (S)	8,3333 ^b	9,9666 ^a	6,4000 ^c
Equitabilidade (E)	0,9207 ^a	0,8446 ^b	0,8354 ^b

Os valores correspondem à Média de 30 repetições

Letras iguais dentro da mesma linha não diferem significativamente pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$)

Tabela 8 – Valores de p no teste de F dos índices de Simpson (1-D), Shannon (H'), Riqueza e Equitabilidade de número de isolados de fungos do solo em cada época, espécie arbórea e área amostrada

	Épocas	Espécies	Áreas
Simpson (1-D)	0,4578	0,5695	0,0000*
Shannon (H')	0,6267	0,4371	0,0000*
Riqueza (S)	0,6825	0,7395	0,0000*
Equitabilidade (E)	0,1687	0,0614	0,0000*

*Apresentam diferenças significativas (Teste de Tukey $\leq 0,05$)

2.3.3.3 Caracterização das espécies mais frequentes

As espécies com frequência de UFC maior que 0,5% do número total de UFCs obtidos, estão listadas na Tabela 9. *Trichoderma* spp, *Paecilomyces carneus*, *Chloridium virescens* var. *caudigerum* e *Penicillium funiculosum* foram as espécies mais comuns, correspondendo a mais de 48% do total de UFCs encontrados. Dentre essas espécies, *Chloridium virescens* var. *caudigerum* foi encontrada em sua maioria no PECB e PEIC, e apenas um isolado, dos 103 encontrados, era da EEA. Já as demais espécies foram encontradas nas três áreas.

Algumas espécies com frequência acima de 0,5% foram mais abundantes de uma das áreas de Mata Atlântica como, por exemplo, *Phialocephala humicola* que apresentou 45 UFCs (2,55%) no PECB e apenas uma UFC nas demais áreas. A espécie *Circinella simplex* também foi característica do PECB, com 29 UFCs (1,64%), enquanto no PEIC foram registradas apenas quatro UFCs e nenhuma foi identificada na EEA.

Espécies como *Penicillium* sp.30, *Umbelopsis versiformes*, *Aspergillus* sp.2 e *Talaromyces* sp. foram encontradas exclusivamente na EEA. Já *Penicillium* sp.23 foi exclusivo do PEIC. *Penicillium sclerotiorum* e *Aspergillus* sp.1 foram encontradas exclusivamente no PECB.

A maioria das espécies encontradas neste trabalho pode ser considerada de típicos fungos do solo, envolvidos na decomposição da matéria orgânica (DOMSCH; GAMS; ANDERSON, 2007). *Trichoderma* e *Penicillium* foram os gêneros mais abundantes em todas as áreas amostradas, seguidos por *Paecilomyces* e *Chloridium*. Resultados semelhantes foram encontrados por Bills e Polishook (1994), ao estudarem a abundância e a diversidade de fungos de serrapilheira de florestas úmidas na Costa Rica, adaptando o método de lavagem de solo e filtragem de partículas para restos vegetais da serrapilheira. No estudo de Bills e Polishook, a maioria dos isolados obtidos foram de *Trichoderma* sp., *Penicillium* sp., *Pestalotiopsis guepini*, *Aspergillus* sp., *Paecilomyces* sp e fungos Mucorales. A produção de diferentes estruturas como conídios, clamidósporos e esclerócios pelos gêneros *Trichoderma*, *Penicillium* e *Aspergillus* também pode favorecer o isolamento desses fungos em amostras de solo.

O gênero *Trichoderma* é caracterizado por apresentar crescimento rápido de colônias em meios de cultura, sendo comumente encontrado em solos e citado em vários estudos como antagonista de diversos patógenos (DOMSCH; GAMS; ANDERSON, 2007). *Penicillium* é um gênero que contém saprófitos comuns, cujos conídios são facilmente dispersos pelo ar. A predominância de *Penicillium* pode estar relacionada ao antagonismo sobre outras espécies, seja por produção de metabólitos secundários ou, mesmo indiretamente, por meio da competição nutricional, da produção elevada de esporos e da maior capacidade de crescimento em meios de cultivo (GOMEZ; PIOLI; CONTI, 2007).

Fungos considerados patógenos de plantas, como *Fusarium solani* ou *Glomerella cingulata*, foram detectados neste estudo, mas com poucos isolados, já que eles costumam ser encontrados em maior número em áreas cultivadas. Apesar de potencialmente patogênicos, eles são considerados comuns em solos, principalmente *Fusarium solani*, que apresenta formas saprófitas frequentes na rizosfera.

Patógenos humanos, como os fungos *Pseudallescheria boydii* e *Coccidioides immitis*, também foram encontrados. *Pseudallescheria boydii* é um ascomiceto responsável por causar várias infecções que podem afetar praticamente todos os órgãos do corpo humano (GILGADO et al., 2005). *Coccidioides immitis* é patógeno de mamíferos, sendo encontrado em diversos países das Américas (GREENE et al., 2000).

O número de espécies encontradas parece ser relativamente alto quando comparado a trabalhos semelhantes. Bellis, Kernaghan e Widden (2007) encontraram 74 espécies de fungos em solos florestais de Quebec (Canadá) utilizando metodologia de lavagem de solo, valor bem abaixo do encontrado em nosso estudo. Já Satish, Sultana e Nanjundiah (2007), identificando os fungos apenas no nível de gênero, encontraram 46 gêneros em florestas tropicais decíduas no sul da Índia, sendo a maioria dos isolados a fase anamórfica. Diversos gêneros encontrados por esses autores foram também detectados na Mata Atlântica nas áreas avaliadas neste trabalho, como *Aspergillus*, *Penicillium*, *Cladosporium*, *Paecilomyces*, *Trichoderma*, *Mortierella* e *Myrothecium*, entre outros.

Em um levantamento de fungos microscópicos de Mata Atlântica em Cubatão, SP, Schoenlein-Crusius e colaboradores (2006) encontraram 125 fungos anamorfos, isolados de solo e folheto misto, utilizando diferentes técnicas de

isolamento. Essa diversidade é similar à encontrada em nosso trabalho, porém nossos isolados são apenas do solo. Vários fungos isolados por esses autores foram semelhantes aos encontrados no presente trabalho, como *Acremonium strictum*, *Geotrichum candidum*, *Penicillium citrinum*, *Penicillium decumbens* e *Pestalotiopsis* spp. No mesmo estudo, foram isoladas 21 espécies do gênero *Penicillium* e 7 espécies de *Trichoderma*, dentre outros fungos em maior abundância. Esses resultados são corroborados pelos nossos, uma vez que os gêneros encontrados em maior frequência foram *Trichoderma* e *Penicillium*, sendo que este último apresentou 21 morfotipos e 7 espécies identificadas. Também foram encontradas espécies presentes em outras florestas tropicais, como espécies de *Acremonium*, *Aspergillus*, *Paecilomyces*, *Talaromyces*, além de *Penicillium* e *Trichoderma*, os quais na maioria dos estudos são os gêneros mais frequentes (BERTUCCI; ROQUEBERT, 1995; PERSIANI; CASADO, 1998; BERTUCCI et al., 2002).

No PECB, onde foram detectados os maiores números de UFCs e onde os gêneros *Penicillium* e *Trichoderma* contribuíram de maneira significativa, foram detectados também as maiores frequências de espécies raras. Esses resultados demonstram que a técnica de lavagem de solo foi eficiente na recuperação de espécies de baixa esporulação, mesmo quando havia elevadas quantidades de espécies com alta esporulação. Em análises de solo que utilizam a técnica de diluição seriada, espécies de *Penicillium* são detectadas com alta frequência. No entanto, essa frequência é consideravelmente reduzida quando a técnica de lavagem do solo é utilizada, e o número de espécies detectadas, em geral, permanece inalterado (DOMSCH; GAMS; ANDERSON, 2007).

Vários isolados encontrados não apresentaram estruturas reprodutivas que permitissem suas identificações e estavam presentes em todas as áreas amostradas nos dois períodos de coleta.

Tabela 9 - Morfoespécies de fungos mais frequentes (com até 0,5% do número total de UFCs) em cada área de coleta, nas épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidade

(continua)

Códigos	Espécies	Número de UFCs						Total	%
		EEA		PECB		PEIC			
		AP	BP	AP	BP	AP	BP		
Tri	<i>Trichoderma</i> spp.	22	30	111	187	98	76	524	28,65
Pca	<i>Paecilomyces carneus</i>	23	17	48	17	26	21	152	8,31
Cvc	<i>Chloridium vires.</i> var. <i>caud.</i>	1	0	29	23	35	15	103	5,63
Pfu	<i>Penicillium funiculosum</i>	12	2	42	28	16	3	103	5,63
Ast	<i>Acremonium strictum</i>	1	2	30	24	4	5	66	3,61
Phu	<i>Phialocephala humicola</i>	1	0	23	22	0	1	47	2,57
Eja	<i>Eupenicillium javanicum</i>	18	19	0	0	4	0	41	2,24
Pld	<i>Penicillium lividum</i>	26	6	1	0	3	1	37	2,02
Csi	<i>Circinella simplex</i>	0	0	7	22	0	4	33	1,80
Tfl	<i>Talaromyces flavus</i>	3	19	3	3	1	0	29	1,59
Ptu	<i>Penicillium</i> sp.31	0	27	0	0	0	0	27	1,48
Ptr	<i>Penicillium</i> sp.3	13	0	6	6	0	0	25	1,37
Ptt	<i>Penicillium</i> sp.30	1	23	0	0	0	0	24	1,31
Pbo	<i>Pseudallescheria boydii</i>	4	5	5	0	1	4	19	1,04
Pma	<i>Paecilomyces marquandii</i>	1	4	3	4	1	6	19	1,04
Pci	<i>Penicillium citrinum</i>	10	0	2	6	0	0	18	0,98
Uve	<i>Umbelopsis versiformes</i>	14	3	0	0	0	0	17	0,93
Pja	<i>Penicillium janczewskii</i>	11	0	0	4	0	1	16	0,87
Aja	<i>Aspergillus japonicus</i>	4	5	1	0	5	0	15	0,82
Uis	<i>Umbelopsis isabellina</i>	7	6	0	1	1	0	15	0,82
Pli	<i>Paecilomyces lilacinus</i>	1	1	8	4	1	0	15	0,82
Cal	<i>Chaunopyncnis alba</i>	2	0	4	2	4	2	14	0,77
Cpa	<i>Cordana pausiseptata</i>	1	3	0	0	0	9	13	0,71
Pae	<i>Paecilomyces</i> sp.	2	0	4	3	4	0	13	0,71
Xyl	<i>Xylaria</i> sp.	0	1	6	3	1	2	13	0,71
Psc	<i>Penicillium sclerotiorum</i>	0	0	5	7	0	0	12	0,66
Pvt	<i>Penicillium</i> sp.23	0	0	0	0	0	11	11	0,60
Aam	<i>Aspergillus</i> sp.1	0	0	2	8	0	0	10	0,55

Tabela 9 - Morfoespécies de fungos mais frequentes (com até 0,5% do número total de UFCs) em cada área de coleta, nas épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidade

(continuação)

Códigos	Espécies	Número de UFCs						Total	%
		EEA		PECB		PEIC			
		AP	BP	AP	BP	AP	BP		
Ala	<i>Aspergillus</i> sp.2	1	9	0	0	0	0	10	0,55
Aro	<i>Aspergillus</i> sp.3	3	1	2	2	2	0	10	0,55
Tal	<i>Talaromyces</i> sp.	4	6	0	0	0	0	10	0,55
Veu	<i>Verticillium</i> sp.	3	0	0	0	7	0	10	0,55
Mes	Micélio estéril	7	11	19	9	6	16	68	3,72
	Espécies raras*	48	51	62	64	26	39	290	15,86
TOTAL		244	251	423	449	246	216	1829	100

*Espécies raras foram definidas com aquelas que apresentaram um número de UFCs menor a 0,5% do número total de UFCs, sendo, em ordem alfabética: *Acremonium alternatum*, *Acremonium fusidioides*, *Acremonium* like, *Acremonium murorum*, *Acremonium polychromum*, *Acremonium* sp.1, *Acremonium* sp.2, *Acremonium* sp.3, *Acremonium* sp.4, *Acremonium* sp.5, *Acremonium* sp.6, *Ampuliferina* sp., *Aspergillus* sp.4, *Aspergillus* sp.5, *Bionectria* sp., *Chaetomium globosum*, *Chaetomium gracile*, *Chaetomium seminudum*, *Chaetomium* sp., *Chalara* sp., *Chloridium virescens* var. *chlamydosporum*, *Cladosporium cladosporioides*, *Cladosporium* sp., *Cladosporium sphaerospermum*, *Clonostachys candelabrum*, *Clonostachys rosea* f. *nigrovirens*, *Clonostachys roseum*, *Clonostachys* sp.1, *Clonostachys* sp.2, *Coccidioides immitis*, *Coccidioides* sp., *Cylindrocarpon ianthothale* var. *minus*, *Cylindrocarpon lucidum*, *Cylindrocarpon obtusisporum*, Dematiáceo “cicatrizado” morfotipo 1, *Humicola* like morfotipo 1, Dematiáceo “cicatrizado” morfotipo 2, *Humicola* like morfotipo 2, *Humicola* like morfotipo 3, *Tolypocladium* like, *Cordana* like, *Geotrichum* like, Clavicipitaceae morfotipo 1, Clavicipitaceae morfotipo 2, Clavicipitaceae morfotipo 3, *Chloridium* like, *Scopulariopsis* like, Dematiáceo “palito”, *Drechslera* sp., *Emericella* sp., *Eurotium amstelodami*, *Eurotium* sp.1, *Eurotium* sp.2, *Eurotium* sp.3, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium solani*, *Geomyces pannorum*, *Geotrichum candidum*, *Geotrichum* sp., *Glomerella cingulata*, *Gonytrichum macrocladum*, *Lecanicillium psalliotae*, *Microascus cirrosus*, *Mortierella* sp., *Mucor* sp., *Myrothecium* sp., *Myrothecium verrucaria*, *Nectria* sp., *Neocosmospora acremonius*, *Nigrospora* est. *Khushia oryzae*, *Oidiodendron rhodogerum*, *Oidiodendron griseum*, *Oidiodendron* sp., *Oidiodendron tenuissimum*, *Penicillium* sp.10, *Penicillium* sp.12, *Penicillium* sp.15, *Penicillium* sp.17, *Penicillium* sp.21, *Penicillium* sp.28, *Penicillium* sp.29, *Penicillium* sp.35, *Penicillium* sp.36, *Penicillium* sp.38, *Penicillium* sp.41, *Penicillium* sp.43, *Penicillium* sp.44, *Penicillium* sp.45, *Penicillium* sp.6, *Penicillium* sp.8, *Penicillium decumbens*, *Penicillium vulpinum*, *Pestalotiopsis* sp., *Phialophora phaeophora*, *Phoma levellei*, *Phoma* sp.1, *Phoma* sp.2, *Pochonia chlamydosporia* var. *catenulata*, *Pochonia chlamydosporia* var. *chlamydosporium*, *Pseudobotrytis terrestris*, *Rhizomucor* sp., *Scopulariopsis* sp., *Sporothrix schenckii*, *Torulomyces lagena*, *Trichoderma polysporum*, *Trichosporiella cerebriiformis*, *Umbelopsis nana*, *Umbelopsis* sp., *Umbelopsis vinacea* e *Verticillium albo-atrum*

2.3.3.4 Análises multivariadas de correlação e correspondência canônica

A análise de correlação (CA) foi realizada com as 32 espécies de fungos mais frequentes, listadas na Tabela 9, mostrando a distribuição das espécies de fungos em relação às amostras de solo coletadas nas 3 áreas, nas épocas de alta e baixa pluviosidade. Para esta análise, uma amostra de solo coletada na época de baixa pluviosidade no PEIC foi desconsiderada por representar um “outlier”, ou seja, mostrou número de UFCs distante do obtido para as demais amostras, pois foram isoladas nove UFCs de *Penicillium* sp. 23, o que influenciou na análise.

Os resultados da CA mostraram que as amostras de solo coletadas no PECB e no PEIC foram mais semelhantes entre si. Apenas duas amostras da EEA se agruparam com as amostras dos demais parques. Houve também um agrupamento dos fungos detectados no solo em função da pluviosidade, observado para as amostras da EEA. O PECB apresentou muitas espécies em comum com o PEIC, mostrando que as comunidades de fungos do solo dessas unidades de Mata Atlântica são qualitativamente semelhantes entre si. Já a comunidade de fungos da EEA foi a que mais se diferiu das comunidades de fungos das outras áreas de coleta.

Figura 7 - Biplot das espécies de fungos com as amostras de solo da análise de correlação (CA). Amostras **CB** (Parque Estadual de Carlos Botelho) foram representadas em verde, amostras **A** (Estação Ecológica de Assis) em vermelho, e amostras **IC** (Parque Estadual da Ilha do Cardoso) em azul. **AP** (época de alta pluviosidade), **BP** (época de baixa pluviosidade). **Cc** (*Cabranea canjerana*) em círculo, **Go** (*Guapira opposita*) em triângulo e **Mr** (*Maytenus robusta*) em quadrado. As letras em itálico indicam os códigos das espécies de fungos, detalhados na Tabela 9

Outra análise, a de correspondência canônica (CCA), foi realizada incluindo os dados resultantes da análise química do solo e os valores de pluviosidade locais, como variáveis ambientais e as espécies de árvores sob as quais as amostras de solo foram coletadas, como variáveis nominais. Nesta análise, foram incluídos apenas os fatores ambientais de maior significância, ou seja, que apresentaram valor de $p < 0,05$, segundo o teste de permutação de Monte Carlo (Tabela 10). Foram excluídas desta análise as espécies *Cordana pausiseptata* (Cps), *Penicillium sclerotiorum* (Psc) *Penicillium* 3 (Ptr) e *Penicillium* 23 (Pvt), por serem considerados “outliers”. Assim como na CA, desta análise foi excluída uma amostra de solo da época de baixa pluviosidade do PEIC.

Os dados foram representados em um gráfico triplot que apresentou 56,3% da variabilidade explicada pelos dois primeiros eixos canônicos (Figura 8). Os fatores ambientais que mais influenciaram na distribuição das espécies foram a MO, K, T, H+Al e pluviosidade ($p=0,001$). A EEA apresentou os menores valores desses atributos químicos. Esses fatores, dentre os analisados, podem ter contribuído para a definição da estrutura da comunidade de fungos cultiváveis nas áreas estudadas. O eixo x do gráfico separou as amostras coletadas no PECB e no PEIC das amostras da EEA, mostrando, mais uma vez, que esta área apresenta comunidade de fungos distinta das demais áreas. Por ser a área mais distante do litoral, a EEA pode sofrer o maior efeito da continentalidade, caracterizado por maiores variações de temperatura e pluviosidade ao longo do ano. O PECB e o PEIC são geograficamente mais próximos entre si, e apresentam comunidades fúngicas mais similares, sugerindo efeito geográfico sobre essas comunidades.

As espécies arbóreas (*Cabralea canjerana*, *Guapira opposita* e *Maytenus robusta*) sob as copas das quais as amostras de solo foram obtidas não exerceram influência na composição das comunidades de fungos nas três unidades de Mata Atlântica amostradas (Tabela 10).

As amostras de solo da EEA também apresentaram maior dispersão no gráfico em relação às amostras dos demais parques, o que sugere que a comunidade de fungos da EEA apresenta uma composição diversificada de espécies de fungos.

A análise CCA, diferentemente da CA, mostrou separação maior entre as amostras de solo do PECB e PEIC. Isto pode ter ocorrido devido às diferenças no pH, cujos valores foram menores no PEIC. Porém, as amostras do PECB e do PEIC ainda se agruparam e apresentaram relação positiva com a maioria dos atributos químicos representados no gráfico, o que indica que os solos desses dois parques apresentam atributos químicos semelhantes, que por sua vez podem ter influenciado na seleção de populações de fungos semelhantes.

Os resultados de espécies de fungos obtidos através do método de cultivo foram representados em gráficos biplot separados para cada área de coleta. Porém, as amostras não apresentaram agrupamento em função das espécies arbóreas ou das épocas de coleta e por isso estes dados não foram apresentados neste trabalho.

Tabela 10 - Valores p obtidos no teste de permutação de Monte Carlo realizado com os valores dos fatores ambientais das três áreas de coleta em relação às espécies de fungos isoladas

Código	Variável ambiental	Valor p^*
MO	Matéria Orgânica	0,001*
K	Potássio	0,001*
T	Capacidade de troca catiônica total	0,001*
H+Al	Acidez Potencial	0,001*
Pluvios	Pluviosidade	0,001*
pH	pH	0,003*
Mg	Magnésio	0,009*
P	Fósforo	0,023*
C	Carbono	0,040*
SB	Soma de bases trocáveis	0,099
Mr	<i>Maytenus robusta</i>	0,124
CE	Condutividade elétrica	0,251
N	Nitrogênio	0,287
Go	<i>Guapira opposita</i>	0,382
S	Enxofre	0,445
Ca	Cálcio	0,508
Cc	<i>Cabralea canjerana</i>	0,546
V	Porcentagem de saturação por bases	0,639

*Os valores foram considerados significativos ($p < 0,05$)

Figura 8 - Triplot das espécies de fungos com as amostras de solo e fatores ambientais da análise de correlação canônica (CCA). Amostras **CB** (Parque Estadual de Carlos Botelho) foram representadas em verde, amostras **A** (Estação Ecológica de Assis) em vermelho, e amostras **IC** (Parque Estadual da Ilha do Cardoso) em azul. **AP** (época de alta pluviosidade), **BP** (época de baixa pluviosidade). **Cc** (*Cabranea canjerana*) em círculo, **Go** (*Guapira opposita*) em triângulo e **Mr** (*Maytenus robusta*) em quadrado. As letras em itálico indicam os códigos das espécies de fungos, detalhados na Tabela 9. As setas vermelhas representam as variáveis ambientais e as estrelas vermelhas, as nominais

Também foi analisada a influência das frações da MOS na distribuição das espécies de fungos nas três áreas de coleta. As frações que foram significativas na distribuição dos dados de espécies de fungos, segundo o teste de permutação de Monte Carlo, foram a humina e o ácido fúlvico (Tabela 11).

O gráfico biplot da análise de correlação canônica (CCA) com as comunidades de fungos isolados dos solos das três áreas amostradas e as frações significativas da MOS está representado na Figura 9. Os dois primeiros eixos do gráfico explicam 71% da variabilidade dos dados. As comunidades fúngicas do

PEIC apresentaram maior relação com a fração humina, enquanto a fração AF apresentou-se mais relacionada às amostras do PECB, indicando que a comunidade de fungos do solo dessas áreas podem ter sido influenciadas por essas frações da MOS na composição das espécies.

A análise da estrutura das comunidades sugere que a EEA apresentou perfil diferente do PECB e PEIC. Os principais fatores que explicam essa separação é a MOS e alguns atributos do solo. PECB e PEIC apresentaram diferenças no perfil da comunidade de fungos, sendo essa explicada pela MOS.

Para Marques, Gusmão e Maia (2008), o predomínio de uma espécie está ligado aos fatores climáticos e físico-químicos dos substratos encontrados na área investigada. Dessa maneira, os teores de ácido fúlvico e humina podem ter influenciado na composição das comunidades de fungos do PECB e PEIC, respectivamente.

Por outro lado, as técnicas aplicadas podem favorecer alguns fungos pelas condições nutricionais às quais são submetidos e assim permitir maior isolamento de determinados grupos de fungos em detrimento a outros grupos.

O levantamento de fungos tem sido eficaz para ampliar o conhecimento sobre a diversidade desses micro-organismos, permitindo que novas espécies sejam conhecidas e novos registros sejam feitos, o que abre a possibilidade de sua posterior utilização em diversos fins (MARQUES; GUSMÃO; MAIA, 2008).

Técnicas independentes de cultivo utilizando DNA metagenômico podem ser utilizadas em conjunto para que se tenha maior conhecimento da diversidade de fungos presentes nos solos da Mata Atlântica, fornecendo dados que possam ser utilizados para justificar a conservação de áreas da vegetação natural, preservando-as para uma utilização sustentável de seus recursos genéticos.

Tabela 11 - Valores p obtidos no teste de permutação de Monte Carlo realizado com os valores das frações da MOS das três áreas de coleta, em relação com as espécies de fungos isoladas

Código	Fração da MOS	Valor p
Hum	Humina	0,001*
AF	Ácido fúlvico	0,007*
AH	Ácido húmico	0,302
AH/AF	Razão ácido húmico/ácido fúlvico	0,436

*Os valores foram considerados significativos ($p < 0,05$)

Figura 9 – Biplot das amostras de solo e frações da MOS da análise de correlação canônica (CCA). Amostras CB (Parque Estadual de Carlos Botelho) foram representadas em verde, amostras A (Estação Ecológica de Assis) em vermelho, e amostras IC (Parque Estadual da Ilha do Cardoso) em azul. AP (época de alta pluviosidade), BP (época de baixa pluviosidade). Cc (*Cabralea canjerana*) em círculo, Go (*Guapira opposita*) em triângulo e Mr (*Maytenus robusta*) em quadrado. As setas vermelhas representam as variáveis ambientais e as estrelas vermelhas, as nominais

2.3.4 Análise das amostras através de métodos moleculares

2.3.4.1 Extração de DNA

Foi feita a extração de DNA metagenômico das 90 amostras de solo coletadas. O DNA extraído através do kit Power Soil DNA (Mobio) apresentou boa qualidade, com alta massa molecular.

2.3.4.2 Amplificação da região ITS do rRNA através de PCR

Para a amplificação da região ITS, foi realizada a reação de “nested” PCR utilizando-se os pares de iniciadores Ef4/ITS4 e ITS1-F-GC/ITS2 (Anderson et al., 2003). O primeiro par de iniciadores amplificou uma região de ~ 2000 pb e o segundo par amplificou uma região de ~300pb com uma banda secundária de ~400-600 pb. Sob essas condições, foi possível amplificar a região ITS das amostras, como pode ser visto na Figura 10.

Figura 10 - Produtos da amplificação de DNA total extraído do solo, com iniciadores ITS1-F-GC e ITS2, após amplificação inicial com os iniciadores Ef4 e ITS4. Amostras coletadas na EEA (época de AP): **1.** Go4, **2.** Go5, **3.** Mr1, **4.** Mr2, **5.** Mr3, **6.** Mr4, **7.** Controle (+), **(M)** Marcador Low DNA Mass Ladder (Invitrogen). Go – *Guapira opposita*; Mr – *Maytenus robusta*

2.3.4.3 Separação dos amplicons das regiões ITS por DGGE.

A análise de amplicons da região ITS por DGGE permitiu a comparação da estrutura das comunidades de fungos presentes no solo das três unidades de conservação da Mata Atlântica. Devido à grande variação no perfil de bandas e dificuldade no alinhamento de todos os géis, optou-se pela separação e alinhamento dos géis por área amostrada, enfatizando a comparação entre as espécies vegetais no mesmo parque, em condições sazonais diferentes.

Os perfis de amplicons (Figuras 11, 12 e 13 A) foram analisados com base na presença e ausência de amplicons usando Análise de Redundância (RDA). Pela RDA realizada para as amostras da EEA, as variáveis S, pluviosidade, N, T e as 3 espécies de árvores foram escolhidas pelo teste de permutação de Monte Carlo como sendo as mais significativas na distribuição dos dados (Tabela 12). Os dois primeiros eixos do gráfico biplot explicam 49,7% da variabilidade dos dados, sendo 31,3% explicados pelo primeiro eixo e 18,4% pelo segundo (Figura 11 B). As amostras coletadas no solo sob as espécies arbóreas *Cabralea canjerana* e *Guapira opposita* apresentaram semelhança visual no perfil de amplicons na época de baixa pluviosidade (Figura 11 A), sugerindo que as comunidades de fungos sob essas espécies arbóreas são mais similares entre si que em relação à *Maytenus robusta*. Na época de baixa pluviosidade, essas espécies podem ter influenciado na composição das comunidades de fungos provavelmente pela qualidade dos exsudatos e liteira depositados sobre o solo, selecionando fungos especializados na degradação desses componentes e também espécies adaptadas às condições de baixa umidade do solo. Apesar de mais variável, a espécie *Maytenus robusta* teve efeito significativo na distribuição das espécies de fungos na EEA. Os atributos S, N e T apresentaram relação positiva com a estrutura da comunidade fúngica nas amostras coletadas na época de baixa pluviosidade na EEA, principalmente com aquelas coletadas sob a copa de *Cabralea canjerana*.

O PECB apresentou ao menos 4 amplicons conservados sob o solo das 3 espécies de árvores (Figura 12 A). A análise de RDA realizada com as amostras do PECB resultou em um gráfico biplot no qual 66,3% da variabilidade dos dados foi explicada pelos 2 primeiros eixos canônicos, sendo que 38% da variabilidade foi

explicada pelo primeiro eixo e 28,3% pelo segundo (Figura 12 B). As variáveis ambientais selecionadas, segundo o teste de permutação de Monte Carlo, foram o P e a pluviosidade, além da variável nominal *Guapira opposita*. O primeiro eixo do gráfico permitiu a separação das amostras coletadas sob a copa da espécie *G. opposita* das demais amostras, indicando que esta espécie pode ter causado seleção de populações de fungos do solo. O primeiro eixo do gráfico permitiu a separação das amostras coletadas na época de alta pluviosidade das coletadas na época de baixa pluviosidade. O PECB foi o que apresentou maior diferença nos valores de precipitação entre as duas épocas de coleta (Tabela 3). Portanto, a pluviosidade pode ter apresentado maior efeito na seleção de populações de fungos desta área, em comparação às demais. O P esteve negativamente relacionado à pluviosidade, uma vez que os valores obtidos para o P foram significativamente maiores na época de baixa pluviosidade em todos os parques (Tabela 1).

A variável ambiental SB e as variáveis nominais *Maytenus robusta* e *Cabralea cajerana* foram as mais significativas na distribuição dos dados do PEIC, segundo o teste de permutação de Monte Carlo (Tabela 12). Os dois primeiros eixos do gráfico biplot explicam 62,7% da variabilidade dos dados, sendo que o 38,7 % são explicados pelo primeiro eixo e 24% pelo segundo (Figura 13-B). Esta foi a única área na qual a variável pluviosidade não esteve entre as mais significativas na distribuição dos dados, porém, como um dos nossos objetivos foi verificar a influência da pluviosidade e das espécies de árvores nas comunidades de fungos, essas variáveis foram representadas em todos os gráficos. Provavelmente, devido ao fato da coleta na época de baixa pluviosidade ter sido realizada em um mês com pluviosidade atípica (Julho de 2009), como descrito anteriormente, a comunidade de fungos do PEIC não apresentou diferenças significativas em relação à época de coleta. Por outro lado, as espécies arbóreas *M. robusta* e *C. cajerana* foram importantes na seleção de populações de fungos, pois mesmo tendo sido coletadas em pontos distantes na parcela permanente do PEIC, a estrutura das comunidades fúngicas no solo sob a copa dessas espécies foram mais semelhantes entre si, do que as estruturas de comunidades fúngicas sob a copa de *G. opposita*. A variável SB apresentou relação com espécies coletadas na época de baixa pluviosidade, pois nesta época foram observados os maiores valores deste atributo químico no PEIC (Tabela 1).

O teste de permutação de Monte Carlo foi realizado também com os dados referentes às frações da matéria orgânica do solo, relacionando-os com a matriz de presença e ausência de amplicons após DGGE. Os resultados dos testes de permutação realizado com as três áreas não apresentaram diferenças significativas nos perfis de MOS ($p>0,05$), indicando que provavelmente a estrutura das comunidades de fungos analisadas pelo DGGE não foram afetadas pela MOS (Tabela 15).

Tabela 12 - Valores p dos fatores ambientais das três áreas amostradas, obtidos no teste de permutação de Monte Carlo da RDA

Código	Variável ambiental	Valor p^*		
		EEA	PECB	PEIC
sp1	<i>Cabralea canjerana</i>	0,040*	0,41	0,019*
sp2	<i>Guapira opposita</i>	0,038*	0,009*	0,661
sp3	<i>Maytenus robusta</i>	0,001*	0,068	0,002*
Pluv.	Pluviosidade	0,003*	0,001*	0,375
pH	pH	0,294	0,842	0,074
MO	Matéria Orgânica	0,467	0,164	0,299
P	Fósforo trocável	0,097	0,001*	0,446
K	Potássio total	0,253	0,124	0,818
Ca	Cálcio total	0,453	0,281	0,467
Mg	Magnésio total	0,230	0,118	0,244
H+Al	Acidez potencial	0,108	0,784	0,103
SB	Soma de bases trocáveis	0,396	0,14	0,039*
T	Capacidade de troca catiônica total	0,039*	0,665	0,119
CE	Condutividade elétrica	0,222	0,175	0,349
V	Porcentagem de saturação por bases	0,544	0,354	0,320
N	Nitrogênio total	0,016*	0,345	0,461
C	Carbono total	0,168	0,185	0,189
S	Enxofre total	0,003*	0,598	0,371

*Os valores foram considerados significativos ($p<0,05$)

Figura 11 - **A** - Perfil de PCR-DGGE das comunidades de fungos das amostras de solo coletadas na EEA durante as épocas de alta (azul) e baixa (vermelho) pluviosidade, sob as copas de 5 indivíduos das espécies arbóreas *Cabralea canjerana* (**Cc**), *Guapira opposita* (**Go**), e *Maytenus robusta* (**Mr**). Os marcadores de corrida foram representados por **M**. **B** – Biplot de RDA das amostras de solo e variáveis ambientais significativas, segundo o teste de permutação de Monte Carlo ($p < 0,05$). **AP** (época de alta pluviosidade), **BP** (época de baixa pluviosidade). As setas vermelhas representam as variáveis ambientais e as estrelas vermelhas, as nominais ou espécies arbóreas: **sp1**(Cc), **sp2** (Go), **sp3** (Mr)

Figura 12 - **A** - Perfil de PCR-DGGE das comunidades de fungos das amostras de solo coletadas no PECB durante as épocas de alta (azul) e baixa (vermelho) pluviosidade, sob as copas de 5 indivíduos das espécies arbóreas *Cabralea canjerana* (**Cc**), *Guapira opposita* (**Go**), e *Maytenus robusta* (**Mr**). Os marcadores de corrida foram representados por **M**. **B** – Biplot de RDA das amostras de solo e variáveis ambientais significativas, segundo o teste de permutação de Monte Carlo ($p < 0,05$). **AP** (época de alta pluviosidade), **BP** (época de baixa pluviosidade). As setas vermelhas representam as variáveis ambientais e as estrelas vermelhas, as nominais ou espécies arbóreas: **sp1**(Cc), **sp2** (Go), **sp3** (Mr)

Figura 13 - **A** - Perfil de PCR-DGGE das comunidades de fungos das amostras de solo coletadas no PEIC durante as épocas de alta (azul) e baixa (vermelho) pluviosidade, sob as copas de 5 indivíduos das espécies arbóreas *Cabralea canjerana* (**Cc**), *Guapira opposita* (**Go**), e *Maytenus robusta* (**Mr**). Os marcadores de corrida foram representados por **M**. **B** – Biplot de RDA das amostras de solo e variáveis ambientais significativas, segundo o teste de permutação de Monte Carlo ($p < 0,05$). **AP** (época de alta pluviosidade), **BP** (época de baixa pluviosidade). As setas vermelhas representam as variáveis ambientais, e as estrelas vermelhas, as nominais ou espécies arbóreas: **sp1**(Cc), **sp2** (Go), **sp3** (Mr)

Tabela 13 - Valores p obtidos no teste de permutação de Monte Carlo da RDA realizada com os valores das frações da MOS das três áreas de coleta, em relação aos dados de DGGE

Fração da MOS	Valor p		
	EEA	PECB	PEIC
Ácido fúlvico	0,135	0,211	0,607
Ácido húmico	0,631	0,369	0,763
Humina	0,405	0,330	0,436
Razão ácido fúlvico/ácido húmico	0,857	0,753	0,829

Provavelmente a comunidade de fungos que esteve relacionada às espécies arbóreas, segundo o método de DGGE, seja constituída de fungos micorrízicos arbusculares que não foram isolados pelo método de cultivo.

Sabe-se que as plantas que compõem a vegetação têm grande efeito na composição das comunidades de fungos do solo. Porém, esse efeito é visível nas comunidades de fungos de regiões com poucas espécies arbóreas. De Bellis e colaboradores (2007), por exemplo, estudando os fungos do solo de uma floresta Boreal Mista observaram correlação entre os fungos saprófitas e as espécies herbáceas, refletindo diferenças em uma escala espacial ainda menor do que a observada em nosso trabalho, para as espécies arbóreas. Lejon e colaboradores (2005) estudaram a estrutura da comunidade microbiana sob diferentes espécies de árvores em uma floresta, na França, através da Análise Automatizada do Espaço Intergênico Ribossomal (ARISA), uma técnica de “fingerprinting”. Comunidades específicas de bactérias e fungos foram observadas por esses pesquisadores em solos sob diferentes espécies de árvores, suportando a hipótese de que as espécies vegetais presentes na área pode determinar a estrutura da comunidade microbiana. No entanto, é possível também que a estrutura da comunidade de fungos do solo possa afetar a comunidade de plantas sobre o mesmo. Como exemplo, Porras-Soriano e colaboradores (2009) constataram que a inoculação de oliveiras com fungos micorrízicos arbusculares aumentou o crescimento das plantas e a habilidade em adquirir nitrogênio, fósforo e potássio tanto em solos salinos como em solos não salinos. Navarro-Fernández e colaboradores realizaram um estudo em solos da Espanha com predominância do calcário dolomita e constataram que

algumas espécies arbóreas com dificuldade de crescimento em solos dolomíticos tiveram aumento na biomassa em decorrência da associação com fungos micorrízicos arbusculares. O crescimento da espécie arbórea *Thymus granatensis* nesse tipo de solo pareceu ser dependente da associação com fungos micorrízicos arbusculares, indicando que esses fungos podem ser usados para a restauração e conservação de habitats dolomíticos no Mediterrâneo (NAVARRO-FERNÁNDEZ; AROCA; BAREA, 2011).

O impacto das espécies arbóreas na diversidade de fungos do solo pode ser resultado das diferenças nos exsudatos radiculares e na qualidade da liteira, o que ocasiona a disponibilidade diferenciada de fontes de carbono para os micro-organismos.

Nielsen e colaboradores (2010) notaram que a diferença na composição da comunidade fúngica do solo entre habitats estava fortemente relacionada com a espécie arbórea *Calluna vulgaris*, em um estudo que comparou vegetações em diferentes locais na Escócia. Estas observações são semelhantes às nossas, uma vez que amostras de solo coletadas em pontos distantes de um mesmo parque, sob indivíduos diferentes da mesma espécie arbórea, apresentaram estruturas de comunidades de fungos semelhantes.

Relação entre a precipitação e a comunidade de diferentes organismos do solo, em diferentes habitats foi observada no mesmo estudo de Nielsen e colaboradores. Nossos resultados obtidos por PCR-DGGE mostraram que a pluviosidade também exerceu influência nas comunidades de fungos do solo da EEA e PECB. Esta influência da pluviosidade pode ser indireta, através de mudanças nas propriedades do solo, como a umidade ou então por lixiviação de nutrientes do solo.

No entanto, não é fácil estabelecer uma relação entre as comunidades de fungos e os fatores ambientais determinantes, já que estes fatores são inúmeros e interdependentes. Nossas análises mostram que a comunidade de fungos está relacionada aos atributos químicos do solo, que por sua vez estão estritamente relacionados à vegetação, pluviosidade e temperatura. Além disso, os resultados obtidos através do método dependente de cultivo foram diferentes dos obtidos no método independente de cultivo, mostrando que a comunidade de fungos observada está também relacionada com o método utilizado para o seu acesso.

2.3.4.4 Pirosequenciamento

2.3.4.4.1 Caracterização das sequências

Para caracterizar a comunidade de fungos no solo da Mata Atlântica, foram sequenciados 154.743 amplicons da região ITS do rDNA. Durante o controle de qualidade, 112.903 sequências foram descartadas por apresentarem tamanho indesejado (<360 pb) ou baixa qualidade. Foram retidas 41.836 sequências das três áreas amostradas. Deste total, 1.521 sequências foram singletons (sequências que ocorrem uma única vez em um cluster) e foram excluídas da análise, considerando-se que podem ser artefatos da técnica (TEDERSOO et al., 2010). Quatro amostras foram excluídas do conjunto para garantir homogeneidade dos dados, como descrito previamente. O número de sequências válidas consideradas na análise foi 39.152. O número de sequências foi variável entre as áreas amostradas (ANOVA: $F_{2,87}=18,1547$; $P=<0,0001$) e entre as espécies de árvores sob as quais as amostras de solo foram coletadas (ANOVA: $F_{2,87}=3,7335$; $P=0,0278$), mas não foi significativamente diferente entre as épocas de coleta (ANOVA: $F_{1,88}=0,0073$; $P=0,9320$). Por causa desses fatores e para garantir a homogeneidade de dados, cada área de coleta foi analisada separadamente.

Através de comparações com base de dados usando BLASTn, as 39.152 sequências foram classificadas em grupos taxonômicos específicos. Todas as sequências foram classificadas no Reino Fungi e não foram encontradas quimeras após a checagem manual.

O número de sequências válidas, após a remoção de sequências de baixa qualidade e tamanho inferior a 360 pb (39.152) é similar ao encontrado em outros estudos utilizando pirosequenciamento de fungos da região 18S e ITS do rDNA. Hibbett e colaboradores (2011) analisaram 10 estudos, realizados nos anos de 2009 e 2010, que utilizaram o pirosequenciamento da região 18S e ITS do rDNA de fungos de vários substratos ambientais e observaram que, em média, cada estudo resgatou 54.000 sequências, após o controle de qualidade das mesmas. O número de sequências retido, após o filtro de qualidade, variou de 4.192 a 166.000 nos estudos analisados. Esse número depende da qualidade das sequências, do

programa utilizado para a análise das mesmas, do limite de comprimento das sequências escolhido para eliminação das sequências menores, dentre outros fatores.

A maioria das sequências identificadas pertence ao sub-reino Dikarya (Ascomycota e Basidiomycota), que corresponde a 90,37% das sequências. Ascomycota foi o filo mais abundante (20.532 sequências; 52,44% das sequências), enquanto Basidiomycota foi representado por uma porcentagem um pouco menor (14.852; 37,93%). Esses resultados são similares a outros estudos de fungos de solo usando sequenciamento Sanger (SCHADT et al., 2003; CURLEVSKI et al., 2010; KLAUBAUF et al., 2010; PORRAS-ALFARO et al., 2011). As sequências também foram atribuídas a linhagens basais de fungos (subfilo Mucoromycotina), representado por 1.827 sequências (4,66%), a Chytridiomycota (247; 0,63%) e Glomeromycota (910; 2,32%) (Figura 14).

Entre as 178 famílias detectadas, Chaetosphaeriaceae (1.661 sequências; 4,24%), Nectriaceae (1.542 sequências; 3,93%) e Amanitaceae (1.113 sequências; 2,84%) foram as mais abundantes. No nível de gênero, o total de 484 gêneros foi principalmente dominado por *Trichosporon* (4.330 sequências; 11,05%), *Cryptococcus* (3858 sequências; 9,85%) e *Amanita* (1.113 sequências; 2,84%).

Um total de 790 sequências não puderam ser classificadas no nível de gênero usando o BLAST. A classificação no nível de espécie não pôde ser feita para 8.665 sequências (22,13%) pertencentes a 433 UTOs (23,4%). Para essas sequências, foram encontrados apenas nomes incompletos. Talvez essas sequências representem espécies que foram descritas, porém sem referências no GenBank (BROCK et al., 2009; NAGY et al., 2011). Ou ainda podem se tratar de espécies não descritas. Alguns trabalhos mostram que a maioria das sequências analisadas não puderam ser classificadas em espécies. Tedersoo e colaboradores (2010), classificaram apenas 15% das UTOs designadas até o nível de espécie, em um estudo realizado com fungos micorrízicos de uma floresta tropical. As UTOs restantes (85%) foram classificadas até o nível de gênero.

Figura 14 – Representação do percentual de UTOs atribuídas a cada filo de fungos, segundo buscas no banco de dados do NCBI

O tamanho das sequências de DNA obtidos pelo pirosequenciamento pode reduzir a resolução taxonômica e dificultar a comparação com outras sequências em bancos de dados (TEDERSOO et al., 2010). No presente trabalho, optamos pelo tamanho de 360 pb para corte das sequências. O limite do tamanho das sequências estabelecido por diferentes autores durante o passo de “trimagem” em estudos que analisam a região ITS de fungos é variável. Contudo, quanto maior o tamanho das sequências, mais acurado será o resultado de identificação e afiliação taxonômica.

O critério de identidade de sequências também varia entre estudos de fungos. Normalmente se usa 97% de identidade para a região ITS (O'BRIEN et al., 2005; BUÉE et al., 2009; AMEND et al., 2010; TEDERSOO et al., 2010). Tem sido mostrado que a similaridade intra-específica, com base na região ITS de fungos, varia de 99% a 76%, dependendo das espécies analisadas (NILSSON et al., 2008). Porém, foi mostrado recentemente que isolados do gênero *Laetiporus* apresentam similaridade intragenômica $\leq 95\%$, com base em dados da região ITS do rDNA (LINDNER; BANIK 2011). Contudo, o estabelecimento de uma média para a definição de UTO é necessária para estudos de diversidade de fungos com base em sequenciamento da região ITS (LENTENDU et al., 2011).

Por outro lado, discute-se muito sobre o uso de bancos de dados, questionando a busca naqueles mais populares e sem restrição para depósitos de sequências, mas que apresentam grande número de sequências de fungos, ou em bancos de dados com restrições para o depósito de sequências (mais acurados), mas que apresentam número muito menor de sequências. Em nosso trabalho,

optamos pela busca de sequências no NCBI, que é o banco de dados que apresenta o maior número de sequências da região ITS de fungos depositadas. Os resultados da busca das sequências representantes de cada UTO foram analisados considerando-se as melhores porcentagens de cobertura ou de similaridade, entre os 10 primeiros resultados do Blast, o que pode conferir maior acurácia na identificação das sequências obtidas.

Um trabalho realizado por Hibbett e colaboradores (2011) analisaram espécies novas de fungos registradas no *Index Fungorum* no período de 1999 a 2009 e constataram que 8.895 (74,4%) das espécies descritas recentemente não apresentam dados de sequências depositados no GenBank. Isso alerta para a necessidade de gerar sequências baseadas em espécies descritas para propósitos de identificação de espécies, já que a maioria dos trabalhos utilizando sequenciamento em larga escala tem demonstrado grande número de sequências de fungos não conhecidas devido à ausência de sequências similares nas bases de dados.

2.3.4.4.2 Riqueza e diversidade de UTOs de fungos

A riqueza (número de UTOs), diversidade (Simpson 1-D) e equitabilidade tenderam à homogeneidade em quase todas as três áreas de coleta. As medidas repetidas de ANOVA mostraram que as três áreas amostradas não apresentaram diferenças significativas na riqueza de UTOs entre as épocas de coleta e espécies arbóreas amostradas (Tabelas 14,15 e 16).

A diversidade de UTOs na EEA e PEIC foi significativamente diferente no solo sob a copa das espécies arbóreas. O solo sob *Guapira opposita* apresentou a maior diversidade de UTOs na época de baixa pluviosidade na EEA, e na época de alta pluviosidade no PEIC (Tabelas 14 e 16). *Guapira opposita* pode ter selecionado uma comunidade de fungos mais diversa na EEA e no PEIC pela qualidade dos substratos e restos vegetais fornecidos ao solo, que podem ter sido utilizados por mais grupos de fungos.

A equitabilidade na EEA foi maior na época de baixa pluviosidade e no solo sob *Guapira opposita* e *Cabralea canjerana*, o que significa que a abundância de

UTOs encontradas sob essas espécies arbóreas foi mais homogênea, em relação ao número total de UTOs detectadas, que para *M. robusta* nessa época. A equitabilidade de UTOs no PECB foi maior no solo sob *Guapira opposita*, na época de alta pluviosidade.

A riqueza de UTOs nas comunidades de fungos do solo foi explorada usando curvas de rarefação. As curvas de rarefação das três áreas não atingiram uma assíntota, sugerindo que a riqueza fúngica total no solo não foi totalmente coberta e esforço adicional no sequenciamento será necessário para que as UTOs remanescentes possam ser detectadas (Figura 15).

A EEA foi a área que apresentou menor riqueza de UTOs e menor número de sequências. Este menor número de sequências pode ser devido a uma diversidade não acessada pelos primers usados ou, provavelmente, mais sequências dessa área ficaram retidas no procedimento de filtragem na análise das sequências. Por outro lado, as características do solo da EEA diferiram das demais áreas. Sendo assim, também podem ter causado influência na riqueza de fungos dessa área. Além disso, a EEA pode ter sofrido o maior efeito da continentalidade, por ser a área mais distante do litoral, apresentando maiores variações de temperatura e pluviosidade ao longo do ano, o que pode ter refletido também na riqueza de UTOs dessa área.

2.3.4.4.3 Comunidades de fungos no solo

Para resumir e visualizar as diferenças na estrutura das comunidades de fungos do solo entre as três áreas amostradas foi utilizada a análise multivariada de escalonamento multidimensional não-métrico (NMS). As medidas repetidas de ANOVA dos escores de NMS de cada área amostrada indicaram que as comunidades de fungos do solo são muito homogêneas (Tabela 17). Os dois primeiros eixos de ordenação indicaram estrutura de comunidades similares nas duas épocas de coleta sob as espécies de árvores amostradas (Figura 16).

Todos os valores de p foram maiores que 0,05, de acordo com as análises no ANOVA, exceto para a EEA. Apenas na EEA, amostras coletadas sob a projeção da copa de *Cabralea canjerana* apresentaram maior número de UTOs na época de

baixa pluviosidade e tiveram uma correlação positiva com o eixo y (Figura 16). Os dois eixos representaram 57,4% da variação dos dados de NMS da EEA. Apesar dessa diferença observada para a EEA, os demais parques não apresentaram diferenças na estrutura da comunidade de fungos, o que indica que a Mata Atlântica apresenta uma comunidade de fungos diversa (pelo grande número de UTOs encontrado), mas homogênea nas três áreas analisadas.

Entre as 1.800 UTOs não singletons, 16 ocorreram em mais de 20% das amostras e foram representadas por mais de 100 sequências. Medidas repetidas de ANOVA foram feitas com essas 16 UTOs para cada área amostrada (Tabelas 18, 19 e 20). A UTO mais frequente foi afiliada à espécie *Trichosporon porosum*, que foi detectada com maior frequência sob a copa de *Maytenus robusta*, na época de alta pluviosidade na EEA e PEIC, e sob a copa da mesma espécie arbórea, na época de baixa pluviosidade, no PECB. Outras UTOs frequentes foram afiliadas a *Leohumicola minima*, *Ramariopsis kunzei* e *Amanita grandis* e foram mais frequentes na EEA. *Cryptococcus podzolicus*, *Lasiosphaeria glabrata*, *Trichosporon laibachii* e *Pyronemataceae* sp. foram mais frequentes no PECB. *Hygrophorus olivaceoalbus* apenas foi detectada no PECB. *Cryptococcus podzolicus* foi mais frequente sob *Cabralea canjerana* na época de alta pluviosidade. *Dacryopinax spathularia*, *Leptodontidium elatius* e *Neonectria radicularis* foram detectados mais frequentemente no PEIC. *Lecythophora* sp., *Amanita oleosa* e *Tricholoma* cf. *terreum* foram detectadas somente no PEIC. Das espécies detectadas no PEIC, *Neonectria radicularis* foi mais frequente sob *Maytenus robusta*, na época de baixa pluviosidade.

Considerando-se as três áreas amostradas, as UTOs mais frequentes foram afiliadas a ascomicetos e basidiomicetos. *Trichosporon porosum*, correspondente à UTO mais frequente, é um basidiomiceto leveduriforme (sem estado sexuado), que apresenta ação antifúngica. É capaz de suprimir o crescimento de ascomicetos e basidiomicetos pertencentes a 52 gêneros, devido à produção de um fungicida termoestável (KULAKOVSKAY et al., 2009). Possui habilidade de degradar hemiceluloses, bem como outros compostos típicos de plantas, sugerindo sua participação ativa na degradação de restos vegetais em vários solos (MIDDELHOVEN; SCORZETTI; FELL, 2001). Espécies do gênero *Trichosporon* também foram encontradas em floresta tropical da Austrália (CURLEVSKI et al., 2010).

Cryptococcus podzolicus é uma levedura conhecida pela produção de enzimas importantes na degradação da madeira (MESTRE et al., 2011). Basidiomicetos leveduriformes isolados de madeira em decomposição degradam compostos complexos como ácido tânico, xilanos, dextranos, poligalacturonato. *C. podzolicus* e *Trichosporon porosum* são leveduras com essa capacidade de degradação e podem ter um papel fundamental na degradação de compostos complexos, contribuindo para a formação do húmus no solo (MESTRE et al., 2011).

A UTO afiliada a *Hygrophorus olivaceoalbus* foi apenas detectada no PECB. Esse fungo é um basidiomiceto que forma ectomicorizas. Outra UTO frequente foi afiliada a *Leohumicola minima*, mais abundante na EEA. Esse hifomiceto hialino foi originalmente isolado de cinzas vulcânicas no Chile e foi também isolado em um solo agrícola no Canadá, submetido à queima, indicando que esse fungo filamentosos é termotolerante (HAMBLETON; NICKERSON; SEIFERT, 2005).

Dentre as espécies detectadas apenas no PEIC, *Tricholoma* cf. *terreum* e *Amanita oleosa* são basidiomicetos, sendo que a primeira forma ectomicorizas. Espécies do gênero *Lecythophora* são hifomicetos dematiáceos, comumente encontrados no solo e restos de plantas.

Nossos resultados são semelhantes aos obtidos por Matos (2010) em um estudo de fungos do solo do PECB, utilizando sequenciamento Sanger da região ITS. Neste trabalho, as UTOs mais frequentes foram atribuídas a *Cryptococcus podzolicus* e também a várias espécies do gênero *Trichosporon*.

As UTOs obtidas com maior frequência pelo método de pirosequenciamento não correspondem às espécies mais frequentes obtidas pelo método de cultivo. Algumas das UTOs mais frequentes foram afiliadas a espécies de basidiomicetos que não formam estruturas reprodutivas em meio de cultura, o que impossibilita a indentificação através da morfologia. Portanto, o uso de outros métodos complementares, como os métodos moleculares, é indicado.

Não há trabalhos na literatura usando o pirosequenciamento para a análise da comunidade de fungos do solo da Mata Atlântica. Os dados de pirosequenciamento obtidos mostram que a comunidade de fungos desse bioma é homogênea em todos os parques analisados, sofrendo pouca influência da pluviosidade e das espécies arbóreas analisadas. Apesar da homogeneidade, grande diversidade de espécies foi observada nas três áreas analisadas.

Os estudos realizados até o momento na Mata Atlântica utilizam principalmente métodos de cultivo para analisar as comunidades de fungos do solo. Além disso, nenhum trabalho buscou a relação entre as comunidades de fungos e variáveis ambientais. Os métodos de cultivo permitem o isolamento de número considerável de espécies de fungos, porém, a identificação de espécies baseada em características morfológicas pode gerar dados errôneos sobre a real diversidade de fungos do solo. O uso de métodos moleculares, complementando os estudos de cultivo de fungos é importante, pois se baseia em características genéticas e não fenotípicas (que são muito variáveis) das espécies de fungos. Desta maneira, também pode ser feito o sequenciamento dos isolados de fungos para conferir se a identificação morfológica coincide com a identificação baseada em sequências de DNA.

Tabela 14 - Repetidas medidas ANOVA do número de sequências de fungos do solo, riqueza e diversidade de unidades taxonômicas operacionais (UTOs) da EEA. Modelo: “espécies de árvores [épocas]”

Épocas/ Espécies de árvores	Número de sequências (n)	Riqueza (S)	Diversidade (1-D)	Equitabilidade (E)
	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP
AP Cc	416; 9853 ^a	107; 5,2915 ^a	0,9574; 0,0107 ^{a,b}	0,232; 0,0737 ^b
AP Go	285; 58 ^a	80,6; 19,5780 ^{a,b}	0,9456; 0,0169 ^{a,b}	0,256; 0,0914 ^b
AP Mr	394; 96 ^a	84,4; 14,3631 ^{a,b}	0,9494; 0,0233 ^{a,b}	0,2777; 0,0914 ^b
BP Cc	254; 91 ^a	75,6; 17,6578 ^{a,b}	0,9714; 0,0192 ^{a,b}	0,5981; 0,2449 ^a
BP Go	270; 88 ^a	80,4; 19,6672 ^{a,b}	0,9762; 0,0103 ^a	0,6016; 0,1840 ^a
BP Mr	350; 102 ^a	59,2; 9,4710 ^b	0,9310; 0,0308 ^b	0,2788; 0,0855 ^b

Espécies de árvores: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go); *Maytenus robusta* (Mr)

Épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidade

Valores da Média ($\bar{x}$) e Desvio Padrão (DP) da Média

Valores seguidos pela mesma letra, dentro da mesma coluna, são estatisticamente iguais ($P < 0,05$)

Tabela 15 - Repetidas medidas ANOVA do número de sequências de fungos do solo, riqueza e diversidade de unidades taxonômicas operacionais (UTOs) do PECB

Épocas/ Espécies de árvores	Número de sequências (n)	Riqueza (S)	Diversidade (1-D)	Equitabilidade (E)
	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP
AP Cc	569; 137 ^a	97,6; 11,2383 ^a	0,9290; 0,0232 ^a	0,1565; 0,0434 ^b
AP Go	466; 87 ^a	101,8; 23,8788 ^a	0,9699; 0,0115 ^a	0,3734; 0,1319 ^a
AP Mr	628; 201 ^a	93,6; 12,6015 ^a	0,9605; 0,0174 ^a	0,3009; 0,0774 ^{a,b}
BP Cc	666; 132 ^a	112; 14,3003 ^a	0,9501; 0,0219 ^a	0,2056; 0,0765 ^{a,b}
BP Go	496; 68 ^a	86,6; 14,4672 ^a	0,9567; 0,0138 ^a	0,2892; 0,0704 ^{a,b}
BP Mr	412; 152 ^a	101,6; 14,8087 ^a	0,9399; 0,0224 ^a	0,1816; 0,0595 ^a

Espécies de árvores: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go); *Maytenus robusta* (Mr)

Épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidade

Valores da Média ($\bar{x}$) e Desvio Padrão (DP) da Média

Valores seguidos pela mesma letra, dentro da mesma coluna, são estatisticamente iguais (P < 0,05)

Tabela 16 - Repetidas medidas ANOVA do número de sequências de fungos do solo, riqueza e diversidade de unidades taxonômicas operacionais (UTOs) do PEIC

Épocas/ Espécies de árvores	Número de sequências (n)	Riqueza (S)	Diversidade (1-D)	Equitabilidade (E)
	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP	$\bar{x}$; DP
AP Cc	494; 157 ^a	113; 20,9642 ^a	0,9595; 0,0440 ^b	0,4033; 0,2374 ^a
AP Go	416; 85 ^a	99,5; 26,0832 ^a	0,9784; 0,0098 ^a	0,5416; 0,1636 ^a
AP Mr	506; 117 ^a	98; 18,5067 ^a	0,9371; 0,0135 ^{a,b}	0,1758; 0,0609 ^a
BP Cc	569; 64 ^a	105,75; 17,6139 ^a	0,9701; 0,0149 ^{a,b}	0,4109; 0,2578 ^a
BP Go	454; 87 ^a	97,8; 14,2898 ^a	0,9679; 0,0146 ^{a,b}	0,3659; 0,1203 ^a
BP Mr	577; 193 ^a	101,2; 14,5842 ^a	0,9673; 0,0195 ^{a,b}	0,4132; 0,2232 ^a

Espécies de árvores: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go); *Maytenus robusta* (Mr)

Épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidade

Valores da Média ($\bar{x}$) e Desvio Padrão (DP) da Média

Valores seguidos pela mesma letra, dentro da mesma coluna, são estatisticamente iguais (P < 0,05)

Figura 15 - Curvas de rarefação dos fungos do solo na época de alta pluviosidade (Wet – símbolos vazios) e época de baixa pluviosidade (Dry – símbolos cheios) para cada uma das espécies de árvores relacionadas: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go) e *Maytenus robusta* (Mr), em cada área amostrada: EEA (a), PECB (b) e PEIC (c). Max (linhas sólidas) e Min (linhas pontilhadas) são os valores máximos e mínimos de riqueza de UTOs em cada conjunto de dados de espécies arbóreas

Tabela 17 - Repetidas medidas ANOVA de escalonamento multidimensional não-métrico (NMS) para unidades taxonômicas operacionais (UTOs) de cada área amostrada

Áreas	NMS1	NMS2	NMS3
EEA	F,P>0,7455; F<0,3598	F,P>0,0057 ; F<4,8788	F,P>0,5309; F<0,4242
PECB	F,P> 0,1908; F<1,8127	F,P>0,0692; F<3,6182	
PEIC	F,P> 0,3514; F<1,1693	F,P>0,0888 F<2,3200	

Respostas que foram significativas a $P<0,05$ estão em negrito

Figura 16 - Escalonamento multidimensional não-métrico (NMS) das unidades taxonômicas operacionais (UTOs) detectadas no solo coletado sob *Cabralea canjerana* (quadrado), *Guapira opposita* (triângulo) e *Maytenus robusta* (círculo), durante as épocas de alta pluviosidade (símbolos abertos) e baixa pluviosidade (símbolos fechados) na EEA (a), PECB (b) e PEIC (c)

Tabela 18 - Repetidas medidas ANOVA das unidades taxonômicas operacionais (UTOs) mais frequentes para a EEA. Os valores representam as médias e o desvio padrão do número de sequências de cada UTO, em cada época e espécie de árvore

UTO	Cc		Go		Mr	
	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)
1	0,0006; 0,0014 ^b	0,0030; 0,0043 ^b	0,0009; 0,0019 ^b	0,0012; 0,0016 ^b	0,0028; 0,0037 ^b	0,0085; 0,0127 ^a
2	0,0653; 0,0398 ^a	0,0913; 0,0242 ^a	0,0756; 0,0549 ^a	0,0961; 0,0511 ^a	0,0798; 0,0687 ^a	0,0683; 0,0306 ^a
3	0,0413; 0,0154 ^a	0,0725; 0,0364 ^a	0,0473; 0,0292 ^a	0,0397; 0,0297 ^a	0,0368; 0,0315 ^a	0,0549; 0,0380 ^a
7	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0014; 0,0032 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
8	0,0107; 0,0225 ^a	0,0016; 0,0029 ^a	0,0131; 0,0252 ^a	0,0499; 0,0832 ^a	0,1981; 0,2685 ^a	0,0178; 0,0208 ^a
18	0,0894; 0,1762 ^a	0,0058; 0,0059 ^a	0,0084; 0,0109 ^a	0,0018; 0,0026 ^a	0,0073; 0,0121 ^a	0,0088; 0,0108 ^a
19	0,0048; 0,0051 ^a	0,0067; 0,0117 ^a	0,0016; 0,0022 ^a	0,0007; 0,0016 ^a	0,0021; 0,0030 ^a	0,0029; 0,0048 ^a
21	0,0019; 0,0028 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0005; 0,0012 ^a	0,0006; 0,0013 ^a	0,0008; 0,0019 ^a
25	0,0000; 0,0000 ^a	0,0012; 0,0022 ^a	0,0270; 0,0605 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,1105; 0,2023 ^a	0,0431; 0,0923 ^a
36	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0012; 0,0018 ^a	0,0005; 0,0012 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0012; 0,0018 ^a
60	0,0044; 0,0053 ^a	0,0006; 0,0011 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0007; 0,0016 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0013; 0,0018 ^a
115	0,0000; 0,0000 ^a	0,0010; 0,0017 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a

Espécies de árvores: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go); *Maytenus robusta* (Mr)

Épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidades

Valores de Média ($\bar{x}$) e Desvio Padrão da Média (DP)

Valores seguidos pela mesma letra em cada linha são estatisticamente iguais ($P < 0.05$)

Espécies atribuídas às UTOs acima: *Trichosporon porosum* (1); *Cryptococcus podzolicus* (2); *Cryptococcus flavescens* (3); *Neonectria radicularis* (7); *Amanita grandis* (8); *Leohumicola minima* (18); *Leptodontidium elatius* (19); *Lasiosphaeria glabrata* (21); *Ramariopsis kunzei* (25); *Trichosporon laibachii* (36); *Pyronemataceae* sp. (60); *Dacryopinax spathularia* (115)

Tabela 19 - Repetidas medidas ANOVA das unidades taxonômicas operacionais (UTOs) mais frequentes para a PECB. Os valores representam as médias e o desvio padrão do número de sequências de cada UTO, em cada época e espécie de árvore

UTO	Cc		Go		Mr	
	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)
1	0,1061; 0,0671 ^{c,d}	0,1315; 0,0342 ^b	0,1282; 0,0172 ^{b,c}	0,0992; 0,0447 ^d	0,1860; 0,0403 ^a	0,1245; 0,0429 ^{b,c}
2	0,1161; 0,0482 ^{a,b}	0,1344; 0,0702 ^a	0,0620; 0,0319 ^{a,b,c}	0,0339; 0,0241 ^c	0,0677; 0,0282 ^{a,b,c}	0,0528; 0,0253 ^{b,c}
3	0,0367; 0,0386 ^a	0,0577; 0,0870 ^a	0,0137; 0,0074 ^a	0,0385; 0,0499 ^a	0,0330; 0,0205 ^a	0,0301; 0,0158 ^a
7	0,0222; 0,0123 ^a	0,0175; 0,0081 ^a	0,0199; 0,0207 ^a	0,0301; 0,0199 ^a	0,0070; 0,0092 ^a	0,0211; 0,0115 ^a
8	0,0000; 0,0000 ^a	0,0005; 0,0011 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
19	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0017; 0,0039 ^a	0,0009; 0,0014 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
21	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0019; 0,0044 ^a	0,0011; 0,0025 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0547; 0,1225 ^a
25	0,0000; 0,0000 ^a	0,0003; 0,0007 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
28	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0808; 0,1344 ^a	0,0063; 0,0113 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
36	0,0091; 0,0113 ^a	0,0034; 0,0036 ^a	0,0088; 0,0055 ^a	0,0073; 0,0107 ^a	0,0433; 0,0867 ^a	0,0258; 0,0506 ^a
60	0,0410; 0,0810 ^a	0,0288; 0,0444 ^a	0,0149; 0,0093 ^a	0,0242; 0,0290 ^a	0,0117; 0,0159 ^a	0,0484; 0,0449 ^a

Espécies de árvores: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go); *Maytenus robusta* (Mr)

Épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidades

Valores de Média ($\bar{x}$) e Desvio Padrão da Média (DP)

Valores seguidos pela mesma letra em cada linha são estatisticamente iguais ($P < 0.05$)

Espécies atribuídas às UTOs acima: *Trichosporon porosum* (1); *Cryptococcus podzolicus* (2); *Cryptococcus flavescens* (3); *Neonectria radicola* (7); *Amanita grandis* (8); *Leptodontidium elatius* (19); *Lasiosphaeria glabrata* (21); *Ramariopsis kunzei* (25); *Hygrophorus olivaceoalbus* (28); *Trichosporon laibachii* (36); *Pyronemataceae* sp. (60)

Tabela 20 - Repetidas medidas ANOVA das unidades taxonômicas operacionais (UTOs) mais frequentes para o PEIC. Os valores representam as médias e o desvio padrão do número de sequências de cada UTO, em cada época e espécie de árvore

UTO	Cc		Go		Mr	
	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)	BP ($\bar{x}$; DP)	AP ($\bar{x}$; DP)
1	0,0978; 0,0721 ^{a,b,c}	0,1171; 0,1155 ^{a,b}	0,0598; 0,0752 ^c	0,0017; 0,0020 ^d	0,0763; 0,0271 ^{b,c}	0,1233; 0,0864 ^a
2	0,0046; 0,0037 ^a	0,0079; 0,0091 ^a	0,0094; 0,0105 ^a	0,0155; 0,0155 ^a	0,0057; 0,0032 ^a	0,0086; 0,0067 ^a
3	0,0340; 0,0204 ^b	0,0300; 0,0130 ^b	0,0409; 0,0350 ^b	0,0367; 0,0258 ^b	0,0360; 0,0131 ^b	0,0949; 0,0636 ^a
7	0,0180; 0,0270 ^{a,b}	0,0045; 0,0049 ^b	0,0224; 0,0253 ^{a,b}	0,0277; 0,0094 ^{a,b}	0,0846; 0,0694 ^a	0,0544; 0,0282 ^{a,b}
8	0,0000; 0,0000 ^a	0,0003; 0,0007 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0002; 0,0005 ^a
11	0,0180; 0,0361 ^a	0,0031; 0,0070 ^a	0,0351; 0,0719 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0413; 0,0914 ^a	0,0812; 0,1816 ^a
18	0,0000; 0,0000 ^a	0,0037; 0,0084 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0056; 0,0101 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0004; 0,0010 ^a
19	0,0056; 0,0076 ^a	0,0394; 0,0801 ^a	0,0018; 0,0025 ^a	0,0018; 0,0023 ^a	0,0141; 0,0130 ^a	0,0067; 0,0134 ^a
36	0,0041; 0,0054 ^a	0,0055; 0,0067 ^a	0,0004; 0,0009 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0014; 0,0032 ^a
60	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0004; 0,0008 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
64	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0437; 0,0978 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0000; 0,0000 ^a
104	0,0196; 0,0326 ^a	0,0174; 0,0220 ^a	0,0027; 0,0028 ^a	0,0702; 0,1357 ^a	0,0016; 0,0017 ^a	0,0018; 0,0024 ^a
115	0,0324; 0,0648 ^a	0,0010; 0,0023 ^a	0,0017; 0,0039 ^a	0,0000; 0,0000 ^a	0,0004; 0,0010 ^a	0,0000; 0,0000 ^a

Espécies de árvores: *Cabralea canjerana* (Cc); *Guapira opposita* (Go); *Maytenus robusta* (Mr)

Épocas de alta (AP) e baixa (BP) pluviosidades

Valores de Média ($\bar{x}$) e Desvio Padrão da Média (DP)

Valores seguidos pela mesma letra em cada linha são estatisticamente iguais ($P < 0.05$)

Espécies atribuídas às UTOs acima: *Trichosporon porosum* (1); *Cryptococcus podzolicus* (2); *Cryptococcus flavescens* (3); *Neonectria radicularis* (7); *Amanita grandis* (8); *Amanita oleosa* (11); *Leohumicola minima* (18); *Leptodontidium elatius* (19); *Trichosporon laibachii* (36); *Pyronemataceae* sp. (60); *Tricholoma* cf. *terreum* (64); *Lecythophora* sp. (104); *Dacryopinax spathularia* (115)

2.3.5 Fatores determinantes na organização de comunidades fúngicas

Relações entre variáveis ambientais e as comunidades fúngicas do solo foram exploradas usando mapas auto-organizáveis (Self-Organizing Maps). Foram analisadas variáveis qualitativas, como áreas de amostragem e espécies de árvores sob as quais as amostras de solo foram coletadas, e variáveis quantitativas, como os atributos químicos do solo, índices de diversidade de fungos identificados pelo método de cultivo ou sequenciamento da região ITS de fungos (Figuras 17, 18, 19 e 20).

Nas Figuras 17-20, cada gráfico representa uma variável de entrada ou de saída. Valores elevados são indicados em vermelho e valores baixos são indicados em azul. Áreas em cada gráfico que são similares em cores indicam correlação positiva entre as variáveis, enquanto cores opostas na mesma região refletem relações inversas.

De maneira geral, os atributos químicos do solo apresentaram relação com as áreas de amostragem e não apresentaram relação significativa com as espécies arbóreas e nem com as épocas de amostragem. Os maiores valores para a maioria dos atributos foram observados no PECB. Pela comparação visual dos mapas gerados, as variáveis que apresentaram maior correlação entre si foram selecionadas para a análise de predição usando modelagem baseadas em redes neurais (Figura 20).

Os índice de diversidade Simpson, com base no cultivo de fungos e sequenciamento (UTOs), foram selecionados como as variáveis dependentes na modelagem de predição com variáveis ambientais de interesse. Os dados dessas variáveis foram validados e apresentaram distribuição dentro de um intervalo de confiança de 99%, o que significa que o modelo de resposta é estatisticamente confiável (Figura 21).

A influência de variáveis individuais, como as frações da MO do solo e os principais atributos químicos do solo, foi testada contra as variáveis dependentes, e tiveram seus efeitos avaliados em pares. Modelos matemáticos, com base em redes neurais artificiais, foram então gerados para a predição da variação dos dados. Os gráficos gerados foram posicionados de maneira que permitissem a melhor visualização das curvas obtidas.

Usando a combinação dos dados das três áreas amostradas, um modelo de rede neural artificial foi gerado para prever o efeito da matéria orgânica (MO) e do pH sobre o índice de diversidade de Simpson com base em cultivo e independente do cultivo de fungos (Figuras 22 a e 22 b). O modelo gerado mostrou que a diversidade de fungos isolados pelo método de cultivo aumentou em função do aumento do pH até um valor máximo de 4. Em pH acima de pH 4 há decréscimo da diversidade de fungos cultivados. Por outro lado, a variação na concentração de MO no solo não causou alterações na diversidade de fungos (Figura 22 a). O aumento da diversidade de UTOs de fungos, por outro lado, mostrou relação positiva com o aumento da concentração de MO no solo e negativa com o pH. A diversidade máxima de UTOs de fungos é prevista em pH 3 (Figura 22 b).

A variação na diversidade de fungos cultiváveis esteve mais relacionada à variação na concentração de ácidos húmicos (AH), em comparação com ácidos fúlvicos (AF). Já a maior diversidade de UTOs foi prevista em alta concentração de AF e baixa concentração de AH, sofrendo efeito da variação de ambas variáveis (Figuras 22 c e 22 d).

A diversidade de fungos cultivados aumenta com o aumento da concentração de MO e de AF no solo. Por outro lado, o aumento da diversidade de UTOs de fungos em função da concentração de AF só é significativa em altas concentrações de MO no solo (Figuras 22 e e 22 f).

Ao ser analisada juntamente com a fração de AH, a MO teve pouco efeito na diversidade de espécies de fungos isolados. Em contrapartida, a diversidade de UTOs deve ser maior em maiores concentrações de MO, quando a concentração de AH atingiu o valor próximo de 2%, sugerindo que essas duas variáveis juntas exercem um efeito aditivo na diversidade de UTOs. A diminuição da concentração de AH abaixo de 2% está relacionada à diminuição da diversidade de isolados. De maneira oposta, o aumento da concentração de AH acima de 2, está associado à diminuição da diversidade de UTOs (Figura 23 a e 23 b).

As variáveis humina e MO juntas apresentaram um efeito aditivo na diversidade de isolados, pois a diversidade aumenta com o aumento de MO e humina. Por outro lado, a influência da MO na diversidade de UTOs foi observada apenas em altas concentrações de humina. No entanto, é prevista uma diminuição de diversidade de UTOs em solos com alta concentração de humina e alta concentração de MO. (Figuras 23 b e 23 c).

A modelagem feita usando redes neurais mostrou que substâncias húmicas têm grande influência na diversidade de fungos no solo, no entanto, esse modelo deve ser validado para que as predições possam ser usadas em futuros estudos.

Substâncias húmicas são formadas por reações de síntese secundária (humificação) durante os processos de decomposição e transformação de biomoléculas originárias de plantas e outros organismos mortos. Lignina e os produtos de sua transformação, bem como polifenóis, melanina, cutina, proteínas e outros polímeros derivados são peças importantes nesse processo. Na natureza, substâncias húmicas (principalmente ácidos húmicos e humina) são extremamente resistentes à degradação (GRINHUT; HADAR; CHEN, 2007). Todavia, as frações AH, AF e humina são constituídas de uma mistura de substâncias húmicas que interagem com outros compostos, como os óxidos e hidróxidos minerais, e tem sua taxa de degradação alterada. Além disso, algumas frações podem não estar disponíveis para biodegradação devido a barreiras físicas e suas interações com outros compostos e o meio ambiente. Assim, a real taxa de degradação dessas substâncias depende das características do meio físico. A degradação de substâncias húmicas depende também da comunidade de fungos. Fungos são particularmente adaptados em degradar substâncias complexas de estrutura aromática.

Pouco se conhece sobre a atual diversidade e função de fungos na decomposição da matéria orgânica e formação do húmus. Fungos que atuam em processos de decomposição incluem principalmente ascomicetos e basidiomicetos, que são comuns na camada superficial de florestas. Todavia, sua abundância relativa e papel durante a ciclagem de substâncias húmicas permanece obscuro (O'BRIEN et al., 2005; GRINHUT; HADAR; CHEN, 2007). Aproximadamente 8.500 espécies de basidiomicetos são saprótrofos degradadores de lignocelulose e metade dessas espécies ocorrem em solo e liteiras de plantas (LYNCH; THORN, 2006).

Várias espécies de ascomicetos, como *Alternaria*, *Clonostachys*, *Exophiala*, *Penicillium*, *Fusarium*, *Phoma* e *Paecilomyces* tem sido estudadas em suas habilidades de modificar AH e AF do solo. Esses fungos foram capazes de degradar AH em taxas elevadas que as observadas para AF em estudos conduzidos por Chen e colaboradores (1977). Gramss e colaboradores (2006) também demonstraram que AH são mais facilmente degradados do que AF.

O entendimento do efeito das substâncias húmicas sobre comunidades microbianas depende da caracterização molecular da MOS usando as técnicas de

pirólise/cromatografia gasosa/espectrometria de massa (GC-MS) ou ressonância magnética nuclear (NMR), por exemplo (HATCHER et al., 2001). O uso dessas técnicas permite um estudo mais detalhado da composição de grupos funcionais das frações da matéria orgânica e poderá fornecer dados que permitirão estabelecer relações mais precisas entre fungos e substâncias orgânicas do solo.

A análise de dados usando modelos de redes neurais ainda é muito pouco aplicado em estudos de ecologia microbiana (LENTZSH; WIELAND; WIRTH, 2005; RAMADAM et al., 2005, MELE; CROWLEY, 2008). No entanto, o uso de mapas auto-organizáveis e modelos de predição para explorar relações entre variáveis ambientais e propriedades biológicas do solo permite a visualização simplificada de padrões em conjuntos de metadados e torna possível a análise simultânea de dados desiguais para prever padrões e obter informações para o teste de hipóteses específicas (CROWLEY, 2008). Portanto, o uso de análises baseadas em redes neurais artificiais poderá facilitar a interpretação de metadados gerados em estudos de ecologia microbiana.

Figura 17 - Mapa auto-organizável de Kohonen das variáveis qualitativas: áreas amostradas: EEA, PECB, PEIC; épocas de coleta: época de alta e baixa pluviosidade; espécies arbóreas sob a copa das quais as amostras de solo foram coletadas: *Cabralea canjerana*, *Guapira opposita*, *Maytenus robusta*. Padrão de cores em cada quadrado indica a intensidade de cada variável (vermelho – alta; azul - baixa). Comparação de padrões entre os quadrados revela correlações simultâneas entre todas as variáveis como determinado pelo modelo de rede neural artificial

Figura 18 - Mapa auto-organizável de Kohonen das variáveis químicas das 3 áreas amostradas na Mata Atlântica. Padrão de cores em cada quadrado indica a intensidade de cada variável (vermelho – alta; azul - baixa). Comparação de padrões entre os quadrados revela correlações simultâneas entre todas as variáveis como determinado pelo modelo de rede neural artificial

Figura 19 - Mapa auto-organizável de Kohonen das variáveis biológicas das 3 áreas amostradas na Mata Atlântica. Padrão de cores em cada quadrado indica a intensidade de cada variável (vermelho – alta; azul - baixa). Comparação de padrões entre os quadrados revela correlações simultâneas entre todas as variáveis como determinado pelo modelo de rede neural artificial

Figura 20 - Mapa auto-organizável de Kohonen das variáveis químicas e biológicas de 3 áreas amostradas na Mata Atlântica, selecionadas para a análise de predição usando modelagens baseadas em redes neurais. Padrão de cores em cada quadrado indica a intensidade de cada variável (vermelho – alta; azul - baixa). Comparação de padrões entre os quadrados revela correlações simultâneas entre todas as variáveis como determinado pelo modelo de rede neural artificial

Figura 21 – Intervalo de confiança (99%) para os dados referentes à diversidade de espécies de fungos isolados pelo método de cultivo **(a)** e à diversidade de UTOs de fungos obtidas pelo método independente de cultivo **(b)** nas três áreas de Mata Atlântica amostradas. Os dados de saída (linha azul) estiveram próximos do desejado (linha cinza), e entre os valores máximos (linha vermelha) e mínimo (linha azul)

Figura 22 – Predição da variação do índice de diversidade de Simpson (1-D) de fungos isolados (a; c; e) e de UTOs de fungos (b; d; f) das áreas amostradas em função da variação do pH e matéria orgânica (MO) (a; b), da quantidade de ácido fúlvico (AF) e ácido húmico (AH) (c; d) e de ácido fúlvico (AF) e matéria orgânica (MO) (e;f)

Figura 23 – Predição da variação do índice de diversidade de Simpson (1-D) de fungos isolados (a; c) e de UTOs de fungos (b; d) das áreas amostradas em função da variação da quantidade de ácido húmico (AH) e matéria orgânica (MO) (a; b) e da quantidade de humina e matéria orgânica (MO) (c; d)

3 CONCLUSÕES

A diversidade de fungos no solo da Mata Atlântica acessada pelo método de pirosequenciamento foi maior em comparação à diversidade de fungos acessada pelo método de cultivo. Porém, a diversidade de fungos acessada por ambos os métodos sofreu influência das substâncias húmicas, pH e MO total, como mostrado pela modelagem feita usando rede neural, com algumas variáveis selecionadas.

A comunidade de fungos do solo da Mata Atlântica identificada pelo método de cultivo sofreu influência dos atributos químicos do solo (MO, K, T, H+Al, pH, Mg, P, C), dos ácidos fúlvicos, humina e das áreas e épocas de coleta na composição de espécies de fungos. As comunidades de fungos do PECB e PEIC foram mais similares entre si do que em relação à EEA, sugerindo forte influência da continentalidade na composição das comunidades de fungos dessa área.

A estrutura da comunidade de fungos, acessada por PCR-DGGE, no solo sob a copa de árvores de mesma espécie foram mais similares entre si do que entre espécies diferentes, dentro da mesma área. A estrutura de comunidades de fungos de amostras de solo coletadas na mesma época também foram mais similares entre si do que entre épocas diferentes, na mesma área.

A análise de pirosequenciamento indicou que há pouca influência das espécies arbóreas e épocas de coleta na estrutura e comunidade de fungos das três áreas amostradas, sugerindo que a comunidade de fungos do solo da Mata Atlântica é homogênea.

Nossos resultados sugerem uma correlação entre variações sazonais e qualidade do solo na composição e estrutura das comunidades de fungos do solo da Mata Atlântica. A influência de cada variável sobre a comunidade de fungos foi diferente em função do método utilizado para análise, indicando a complementariedade dos métodos utilizados.

REFERÊNCIAS

- ABARENKOV, K.; NILSSON, R.H.; LARSSON, K.-H.; ALEXANDER, I.J.; EBERHARDT, U.; ERLAND, S.; HOILAND, K.; KJOLLER, R.; LARSSON, E.; PENNANEN, T.; SEN, R.; TAYLOR, A.F.S.; TEDERSOO, L.; URSING, B.M.; VRÅLSTAD, T.; LIIMATAINEN, K.; PEINTNER, U.; KÖLJALG, U. The UNITE database for molecular identification for fungi – recent updates and future perspectives. **New Phytologist**, Oxford, v. 186, p. 281–285, 2010.
- AMEND, A.S.; SEIFERT, K.A.; SAMSON, R.; BRUNS, T.D. Indoor fungal composition is geographically patterned and more diverse in temperate zones than in the tropics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 107, p. 13748–13753, 2010.
- ANDERSON, I.C.; CAMPBELL, C.D.; PROSSER, J.I. Diversity of fungi in inorganic soils under a moorland – Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) gradient. **Environmental Microbiology**, Oxford, v.5, p. 1121–1132, 2003.
- ANDERSON, J.M.; INGRAM, J.S.I. **Tropical soil biology and fertility: a handbook of methods**. Wallingford: CABI, 1989. 171 p.
- AVANISS-AGHAJANI, E.; JONES, K.; CHAPMAN, D.; BRUNK, C. A molecular technique for identification of bacteria using small subunit ribosomal RNA sequences. **BioTechniques**, New York, v. 17, p. 144–149, 1994.
- BÅÅTH, E. A critical examination of the soil washing technique with special reference to the effect of the size of the soil particles. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 66, p. 1566–1569, 1988.
- BARRETO, R.W.; TORRES, A.N.L. *Nimbya alternantherae* and *Cercospora alternantherae*: two new records of fungal pathogens on *Alternanthera philoxeroides* (alligatorweed) in Brazil. **Australasian Plant Pathology**, Collingwood, v. 28, p. 103–107, 1999.
- BARRETO, R.W.; CHARUDATTAN, R.; POMELLA, A.W.V.; HANADA, R.E.E. Biological control of neotropical aquatic weeds with fungi. **Crop Protection**, Guilford, v. 19, p. 697–703, 2000.
- BASS, D.; RICHARDS, T.A. Three reasons to re-evaluate fungal diversity 'on Earth and in the ocean'. **Fungal Biology Reviews**, Manchester, 2011, doi:10.1016/j.fbr.2011.10.003.
- BEGEROW, D.; NILSSON, H.; UNTERSEHER, M.; MAIER, W. Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. **Applied Microbiology and Biotechnology**, Berlin, v. 87, p. 99–108, 2010.
- BELLIS, T.; KERNAGHAN, G.; WIDDEN, P. Plant community influences on soil microfungal assemblages in boreal mixed-wood forests. **Mycologia**, New York, v. 99, p. 356–367, 2007.

BENITES, V.M.; MADARI, B.; MACHADO, P.L.O.A. **Extração e fracionamento quantitativo de substâncias húmicas do solo**: um procedimento simplificado de baixo custo. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2003. 7 p. (Comunicado Técnico).

BERTTUCCI, L.; MALVAREZ, I.; DUPONT, I.; BURY, E.; ROQUEBERT, M.F. Paraná river delta wetlands soil microfungi. **Pedobiologia**, Jena, v. 46, p. 606-623, 2002.

BERTTUCCI, L.; ROQUEBERT, M.F. Microfungi from a tropical rain forest litter and soil: a preliminary study. **Nova Hedwigia**, Stuttgart, v. 61, p. 111-118, 1995.

BILLS, G.F.; CHRISTENSEN, M.; POWELL, M.; THORN, G. Saprobiic soil fungi. In: MUELLER, G. M.; BILLS, G. F.; FOSTER, M. S. (Ed.). **Biodiversity of fungi**. Inventory and monitoring methods. Amsterdam: Elsevier, 2004. p. 271-302.

BILLS, G.L.; POLYSHOOK, J.D. Abundance and diversity of microfungi in leaf litter of a lowland rain forest in Costa Rica. **Mycologia**, New York, v. 86, p. 187-198, 1994.

BLACKWELL, M. The Fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 Million species? **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 98, p. 426-438, 2011.

BROCK P.M.; DORING, H.; BIDARTONDO, M.I. How to know unknown fungi: the role of a herbarium. **New Phytologist**, Oxford, v. 181, p. 719-724, 2009.

BRODIE, E.; EDWARDS, S.; CLIPSON, N. Soil fungal community structure in a temperate upland grassland soil. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 45, p. 105-114, 2003.

BUÉE, M.; REICH, M.; MURAT, C.; MORIN, E.; NILSSON, R.H.; UROZ, S.; MARTIN, F. 454 Pyrosequencing analyses of forest soils reveal an unexpectedly high fungal diversity. **New Phytologist**, Oxford, v. 184, p. 449-456, 2009.

CANNON, P.F. Diversity of the Phyllachoraceae with special reference to the tropics. In: Hyde, K.D. (Ed.). **Biodiversity of Tropical Microfungi**. Hong Kong: Hong Kong University Press, 1997. p. 255-278.

CARDENAS, E.; TIDJE, J.M. New tools for discovering and characterizing microbial diversity. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v. 19, p. 544-549, 2008.

CELIO, G.J.; PADAMSEE, M.; DENTINGER, B.T.; BAUER, R.; McLAUGHLIN, D.J. Assembling the Fungal Tree of Life: Constructing the structural and biochemical database. **Mycologia**, New York, v. 98, p. 850 – 859, 2006.

CHAUVAT, M.; PONGE, J.F.; WOLTERS, V. Humus structure during a spruce forest rotation: quantitative changes and relationship to soil biota. **European Journal of Soil Science**, Oxford, v. 58, p. 625-631, 2007.

CHEN, Y.; SENESI, N.; SCHNITZER, M. Information provided on humic substances by E4-E6 ratios. **Soil Science Society of America Journal**, Madison, v. 41, p. 352–358, 1977.

CHRIST, S.; WUBET, T.; THEUERL, S.; HEROLD, N.; BUSCOT, F. Fungal communities in bulk soil and stone compartments of different forest and soil types as revealed by a barcoding ITS rDNA and a functional laccase encoding gene marker. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 43, p. 1292-1299, 2011.

CENTRO INTEGRADO DE INFORMAÇÕES AGROMETEOROLÓGICAS. Disponível em: <<http://www.ciiagro.sp.gov.br/ciiagroonline/>>. Acesso em: 10 jul. 2010.

CLIMATEMPO. Disponível em: <<http://www.climatepo.com.br/destaques/2009/07/25/sao-paulo-chuva-de-julho-2009-e-recorde/>>. Acesso em: 10 jul. 2010.

CLARK, R.B. Arbuscular mycorrhizal adaptation, spore germination, root colonization, and host plant growth and mineral acquisition at low pH. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 192, p. 15–22, 1997.

COLWELL, R.K. 2006. **EstimateS**: Statistical estimation of species richness and shared species from samples. Version 8. Disponível em: <<http://purl.oclc.org/estimates>>. 2006. Acesso em: 14 fev. 2011.

CROWLEY, D.; PINEDA, R.; BAQUIRAN, J.P. **Evaluation of the Benchmark Soil Concept in Relation to Soil Microbial Community Structure and Function**. Davis: Division of Agriculture and Natural Resources of the University of California, 2009. 10 p. (Scientific Report).

CURLEVSKI, N.J.A.; XU, Z.; ANDERSON, I.C.; CAIRNEY, J.W.G. Converting Australian tropical rainforest to native Araucariaceae plantations alters soil fungal communities. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 42, p. 14–20, 2010.

DE BELLIS, T.; KERNAGHAN, G.; WIDDEN, P. Plant community influences on soil microfungal assemblages in boreal mixed-wood forests. **Mycologia**, New York, v. 99, n. 3, p. 356–367, 2007.

DIANESE, J.C.; DIANESE, A.C. Three *Uncinula* species from the Brazilian cerrado and a key to South American *Uncinula* species. **Mycological Research**, Cambridge, v. 99, p. 821-824, 1995.

DIANESE, J.C.; INÁCIO, C.A.; DORNELO-SILVA, D. *Wilmia*, a new genus of phaeosphaeriaceous ascomycetes on *Memora pedunculata* in central Brazil. **Mycologia**, New York, v. 93, p. 1014-1018, 2001.

DOMSCH, K. H.; GAMS, W.; ANDERSON, T. **Compendium of soil fungi**. London: Academic, 2007. 672 p.

DORAN, J. W.; ZEISS, M. R. Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v.1, p. 3–11, 2000.

DORNELO-SILVA, D.; DIANESE, J.C. New hiphomycete genera on *Qualea* species from the Brazilian cerrado. **Mycologia**, New York, v. 96, p. 879-884, 2004.

ELLIS, M.B. **Dematiaceous hyphomycetes**. Wallingford: CAB International, 1971. 608 p.

ELLIS, M.B. **More dematiaceous hyphomycetes**. Wallingford: CAB International, 1976. 507p.

FERNANDES, R.C.; BARRETO, R.W. *Ramularia pistiae* sp. nov. a new leaf spot fungus on water lettuce (*Pistia stratiotes*) from Nicaragua. **Mycotaxon**, Ithaca, v. 92, p. 49-53, 2005.

FISCHER, M.M.; TRIPLETT, E. Automated approach for ribosomal intergenic spacer analysis of microbial diversity and its application to freshwater bacterial communities. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 65, p. 4630-4636, 1999.

FRÖHLICH, J.; HYDE, K.D. Biodiversity of palm fungi in the tropics: are global fungal diversity estimates realistic? **Biodiversity and Conservation**, London, v. 8, p. 977-1004, 1999.

FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, INPE, Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica no período de 2000-2005. **Fundação SOS Mata Atlântica/ Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais**, São Paulo, 2008. 156 p.

FURLANETTO, C.; DIANESE, J.C. Some Coelomycetes from Central Brazil. **Mycological Research**, Cambridge, v. 102, p. 19-17, 1997.

GAMS, W. Biodiversity of soil-inhabiting fungi. **Biodiversity and Conservation**, London, v. 16, p. 69-72, 2007.

GARDES, M.; BRUNS, T.D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes: application to the identification of mycorrhiza and rusts. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 2, p. 113-118, 1993.

GILGADO, F.; CANO, J.; GENÉ, J.; GUARRO, J. Molecular phylogeny of the *Pseudallescheria boydii* species complex: proposal of two new species. **Journal of Clinical Microbiology**, Washington, v. 43, p. 4930-4942, 2005.

GOMEZ, E.; PIOLI, R.; CONTI, M. Fungal abundance and distribution as influenced by clearing and land use in a vertic soil of Argentina. **Biology and Fertility of Soils**, Berlin, v. 43, p. 373-377, 2007.

GÖMÖRYOVÁ, E.; HRIVNÁK, R.; JANISOVÁ, M.; UJHÁZY, K.; GÖMÖRY, D. Changes of the functional diversity of soil microbial community during the colonization of abandoned grassland by a forest. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v.43, p. 191-199, 2009.

GRAMSS G.; ZIEGENHAGEN, C.; SORGE, S. Degradation of soil humic extract by wood- and soil-associated fungi, bacteria, and commercial enzymes. **Microbial Ecology**, New York, v. 37, p. 140–151, 1999.

GRANDI, R.A.P.; GUSMÃO, L.F.P. Hyphomycetes decompositores do folheto de *Tibouchina pulchra* Cogn. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 25, n. 1, p. 79-87, 2002.

GRAYSTON, S.J.; PRESCOTT, C.E. Microbial communities in forest floors under four tree species in coastal British Columbia. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 37, p. 1157-1167, 2005.

GREENE, D.R.; KOENIG, G.; FISHER, M.C.; TAYLOR, J.W. Soil isolation and molecular identification of *Coccidioides immitis*. **Mycologia**, New York, v. 9, p. 406-410, 2000.

GRINHUT, T.; HADAR, Y.; CHEN, Y. Degradation and transformation of humic substances by saprotrophic fungi: processes and mechanisms. **Fungal Biology Reviews**, Manchester, v. 21, p. 179–189, 2007.

GUERRA, J.G.M.; SANTOS, G.A. de. Métodos químicos e físicos. In: SANTOS, G.A.; CAMARGO, F.A.O. (Ed.). **Fundamentos da matéria orgânica do solo: ecossistemas tropicais e subtropicais**. Porto Alegre: Gênese, 1999. 49p.

HAGN, A.; PRITSCH, K.; SCHLOTTER, M.; MUNCH, J.C. Fungal diversity in agricultural soil under different farming management systems, with special reference to biocontrol strains of *Trichoderma* spp. **Biology and fertility of soils**, Berlin, v. 38, n. 4, p. 236-244, 2003.

HAMBLETON, S.; NICKERSON, N.L.; SEIFERT, K.A. *Leohumicola*, a new genus of heat-resistant hyphomycetes. **Studies in Mycology**, Utrecht, v. 53, p. 29–52, 2005.

HAMMOND, P.M. Species inventory. In: Groombridge, B. (Ed.). **Global Biodiversity: status of the Earth's Living Resources**. London: Chapman; Hall, 1992. p. 17-39.

HATCHER, P.G.; DRIA, K.J.; KIM, S.; FRAZIER, S.W. Modern analytical studies of humic substances. **Soil Science**, Baltimore, v. 166, p. 770–794, 2001.

HATTORI, T.; MITSUI, H.; HAGA, H.; WAKAO, N.; SHIKANO, S.; GORLACH, K.; KASAHARA, Y.; EL-BELTAGY, A.; HATTORI, R. Advances in soil microbial ecology and biodiversity. **Antonie Van Leeuwenhoek**, Wageningen, v. 71, p. 21–28, 1997.

HAWKSWORTH, D.L. The fungal dimension of biodiversity: magnitude, significance and conservation. **Mycological Research**, Cambridge, v. 95, p. 641-655, 1991.

_____. The magnitude of fungal diversity: the 1.5 million species estimate revisited. **Mycological Research**, Cambridge, v. 105, p. 1422–1432, 2001.

HIBBETT, D.M.; BINDER, M.; BISCHOFF, J.F.; BLACKWELL, M.; CANNON, P.F.; ERIKSSON, O.; HUHNDOERF, S.; JAMES, T.; KIRK, P.M.; KING, R.L.U.;

THORSTEN LUMBSCH, H.; LUTZONI, F.; MATHENY, P.B.; MCLAUGHLIN, D.J.; POWELL, M.J.; REDHEAD, S.; SCHOCH, C.L.; SPATAFORA, J.W.; STALPERS, J.A.; VILGALYS, R.; AIME, M.C.; APTROOT, A.; BAUER, R.; BEGEROW, D.; BENNY, G.L.; CASTLEBURY, L.A.; CROUS, P.W.; DAI, Y-C.; GAMS, W.; GEISER, D.M.; GRIFFITH, G.W.; GUEIDAN, C.; HAWKSWORTH, D.L.; HESTMARK, G.; HOSAKA, K.; HUMBER, R.A.; HYDE, K.D.; IRONSIDE, J.E.; KÖLJALG, U.; KURTZMAN, C.P.; LARSSON, K-H.; LICHTWARDT, R.; LONGCORE, J.; DLIKOWSKA, J.M.; MILLER, A.; MONCALVO, J-M.; MOZLEY-STANDRIDGE, S.; OBERWINKLER, F.; PARMASTO, E.; REEB, V.; ROGERS, J.D.; ROUX, C.; RYVARDEN, L.; SAMPAIO, J.P.; SCHÜßLER, A.; SUGIYAMA, J.; THORN, R.G.; TIBELL, L.; UNTEREINER, W.A.; WALKER, C.; WANG, Z.; WEIR, A.; WEISS, M.; WHITE, M.M.; WINKA, K.; YAO, Y-J.; ZHANG, N. A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. **Mycological Research**, Cambridge, v. 111, p. 509 – 547, 2007.

HIBBETT, D.S.; OHMAN, A.; KIRK, P.M. Fungal ecology catches fire. **New Phytologist**, Oxford, v.184, p. 279-282, 2009.

HIBBETT, D.S.; OHMAN, A.; GLOTZER, D.; NUHN, M.; KIRK, P.; NILSSON, R.H. Progress in molecular and morphological taxon discovery in Fungi and options for formal classification of environmental sequences. **Fungal Biology Reviews**, Manchester, v. 28, p. 38-47, 2011.

HILL, G.T.; MITKOWSKI, N.A.; ALDRICH-WOLFE, L.; EMELE, L.R.; JURKONIE, D.D.; FICKE, A.; MALDONADO-RAMIREZ, S.; LYNCH, S.T.; NELSON, E.B. Methods for assessing the composition and diversity of soil microbial communities. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 15, p. 25–36, 2000.

HIRSCH, P.R.; MAUCHLINE, T.H.; CLARK, I.M. Culture-independent molecular techniques for soil microbial ecology. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 42, p. 878-887, 2010.

HORWATH, W. Carbon cycling and formation of soil organic matter. In: PAUL, E.A. **Soil microbiology and biochemistry**. 3rd ed. Academic Press, 2007. cap. 12. p. 329-339.

HOUSTON, A.P.C.; VISSER, S.; LAUTERNSCHLAGER, R. A. Microbial process and fungal community structure in soils from clear-cut and unharvested areas of two mixedwood forests. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 76, p. 630-640, 1998.

HUI, N.; JUMPPONEN, A.; NILKANEN, T.; LIIMATAINEN, K.; JONES, K.L.; KOIVULA, T.; ROMANTSCHUK, M.; STRÖMMER, R. EcM fungal community structure, but not diversity, altered in a Pd-contaminated shooting range in a boreal coniferous forest site in Southern Finland. **FEMS Microbial Ecology**, Amsterdam, v. 76, p. 121-132, 2011.

INÁCIO, C.A.; DIANESE, J.C. A new *Mycovellosiella* species on *Myracrodruon urundeuva*. **Mycotaxon**, Ithaca, v. 72, p. 251-254, 1999.

JAMES, T.Y.; KAUFF, F.; SCHOCH, C.L.; MATHENY, P.B.; HOFSTETTER, V.; COX, C.J.; CELIO, G.; GUEIDAN, C.; FRAKER, E.; MIADLIKOWSKA, J.; LUMBSCH, H.T.; RAUHUT, A.; REEB, V.; ARNOLD, A.E.; AMTOFT, A.; STAJICH, J.E.; HOSAKA, K.; SUNG, G.; JOHNSON, D.; O'ROURKE, B.; CROCKETT, M.; BINDER, M.; CURTIS, J.M.; SLOT, J.C.; WANG, Z.; WILSON, A.W.; SCHÜßLER, A.; LONGCORE, J.E.; O'DONNELL, K.; MOZLEY-STANDRIDGE, S.; PORTER, D.; LETCHER, P.M.; POWELL, M.J.; TAYLOR, J.W.; WHITE, M.M.; GRIFFITH, G.W.; DAVIES, D.R.; HUMBER, R.A.; MORTON, J.B.; SUGIYAMA, J.; ROSSMAN, A.Y.; ROGERS, J.D.; PFISTER, D.H.; HEWITT, D.; HANSEN, K.; HAMBLETON, S.; SHOEMAKER, R.A.; KOHLMAYER, J.; VOLKMANN-KOHLMEYER, B.; SPOTTS, R.A.;

SERDANI, M.; CROUS, P.W.; HUGHES, K.W.; MATSUURA, K.; LANGER, E.; LANGER, G.; UNTEREINER, W.A.; LÜCKING, R.; BÜDEL, B.; GEISER, D.M.; APTROOT, A.; DIEDERICH, P.; SCHMITT, I.; SCHULTZ, M.; YAHR, R.; HIBBETT, D.S.; LUTZONI, F.; MCLAUGHLIN, D.J.; SPATAFORA, J.W.; VILGALYS, R. Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. **Nature**, London, v. 443, p. 818-822, 2006.

JOERGESEN, R.G.; BROOKES, P.C. **Soil Biology and Biochemistry**, Oxford, v. 22, n. 8, p. 703-707, 1990.

JUMPPONEN, A.; JONES, K.L. Massively parallel 454 sequencing indicates hyperdiverse fungal communities in temperate *Quercus macrocarpa* phyllosphere. **New Phytologist**, Oxford, v. 184, p. 438–448, 2009.

KASCHUK, G.; ALBERTON, O.; HUNGRIA, M. Three decades of soil microbial biomass studies in Brazilian ecosystems: Lessons learned about soil quality and indications for improving sustainability. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 42, p. 1-13, 2010.

KENT, A.D.; TRIPLETT, E.W. Microbial communities and their interactions in soil and rhizosphere ecosystems. **Annual Review of Microbiology**, Palo Alto, v. 56, p. 211–236, 2002.

KIRK, P.M.; CANNON, P.F.; MINTER, D.W.; STALPERS, A. **Dictionary of the Fungi**, 10th ed. Wallingford, UK :CABI, 2008. 368 p.

KLAUBAU, S.; INSELBACHER, E.; ZECHMEISTER-BOLTENSTERN, S.; WANEK, W.; GOTTSBERGER, R.; STRAUSS, J.; GORFER, M. Molecular diversity of fungal communities in agricultural soils from Lower Austria. **Fungal Diversity**, Hong Kong, v. 44, p. 65–75, 2010.

KRANABETTER, J.M.; FRIESEN, J.; GAMET, S.; KROEGER, P. Ectomycorrhizal mushroom distribution by stand age in western hemlock-lodgepole pine forest in northwestern British Columbia. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v.35, p. 1527–1539, 2005.

KULAKOVSKAYA, T.V.; GOLUBEV, W.I.; TOMASHEVSKAYA, M.A.; KULAKOVSKAYA, E.V.; SHASHKOV, A.S.; GRACHEV, A.A.; CHIZHOV, A.S.;

NIFANTIEV, N.E. Production of antifungal cellobiose lipids by *Trichosporon porosum*. **Mycopathologia**, The Hage, v. 169, p. 117-123, 2010.

KUNIN, V.; HUGENHOLTZ, P. PyroTagger: A fast, accurate pipeline for analysis of rRNA amplicon pyrosequence data. **The Open Journal**, Berkeley, v.1, p. 1-8, 2010.

LEJON, D.P.H.; CHAUSSOD, R.; RANGER, J.; RANJARD, L. Microbial community structure and density under different tree species in an acid forest soil (Morvan, France). **Microbial Ecology**, New York, v. 50, p. 614-625, 2005.

LENTENDU, G.; ZINGER, L.; MANEL, S.; COISSAC, E.; CHOLER, P.; GEREMIA, R.A.; MELODELIMA, C. Assessment of soil fungal diversity in different alpine tundra habitats by means of pyrosequencing. **Fungal Diversity**, Hong Kong, v. 49, p. 113–123, 2011.

LENTZSH, P.; WIELAND, R.; WIRTH, S. Application of multiple regression and neural network approaches for landscape-scale assessment of soil microbial biomass. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 37, p. 1577–1580, 2005.

LIM, Y.W.; KIM, B.K.; KIM, C.; JUM, H.S.; KIM, B-S.; LEE, J-H.; CHUN, J. Assessment of soil fungal communities using pyrosequencing. **The Journal of Microbiology**, Seoul, v. 48, n. 3, p. 284-289, 2010.

LINDNER, D.L.; BANIK, M.T. Intra-genomic variation in the ITS rDNA region obscures phylogenetic relationships and inflates estimates of operational taxonomic units in genus *Laetiporus*. **Mycologia**, New York, v. 103, p. 731-740, 2011.

LYNCH, M.D.J.; THORN, R.G. Diversity of basidiomycetes in Michigan agricultural soils. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 72, p. 7050–7056, 2006.

MAIA, L.C. Diversidade de fungos e líquens e sucessão fúngica na Reserva Ecológica de Dois Irmãos. In: MACHADO, I.C.; LOPES, A.V.; PORTO, K.C. (Ed.). **Reserva ecológica de dois irmãos: estudos em um remanescente de Mata Atlântica em área urbana de Recife, Pernambuco, Brasil**. Recife: UFPE, 1998. p. 85-113.

_____. **Sucessão de fungos em folheto de floresta tropical úmida**. Recife: UFPE, 1983. 156 p.

MARCELLI, M.P.; RIBEIRO, C.H. Twenty-one new species of Parmeliaceae (lichenized fungi) from southeastern Brazil. **Mitteilungen Aus Dem Institut Für Allgemeine Botanik Hamburg**, Hamburgo, v. 30, p. 125-155, 2002.

MARGULIES M, EGHOLM M, ALTMAN WE, ATTIYA S, BADER JS, BEMBEN LA, BERKA J, BRAVERMAN MS, CHEN YJ, CHEN ZT; DEWELL, S.B.; DU, L.; FIERRO, J.M.; GOMES, X.V.; GODWIN, B.C.; HE, W.; HELGESEN, S.; HO, C.H.; IRZYK, G.P.; JANDO, S.C.; ALENQUER, M.L.I.; JARVIE, T.P.; JIRAGE, K.B.; KIM, J-B; KNIGHT, J.R.; LANZA, J.R.; LEAMON, J.H.; LEFKOWITZ, S.M.; LEI, M.; LI, J.; LOHMAN, K.L.; LU, H.; MAKHIJANI, V.B.; MCDADE, K.E.; MCKENNA, M.P.;

MYERS, E.W.; NICKERSON, E.; NOBILE, J.R.; PLANT, R.; PUC, B.P.; RONAN, M.T.; ROTH, G.T.; SARKIS, G.J.; SIMONS, J.F.; SIMPSON, J.W.; SRINIVASAN, M.; TARTARO, K.R.; TOMASZ, A.; VOGT, K.A.; VOLKMER, G.A.; WANG, S.H.; WANG, Y.; WEINER, M.P.; YU, P.; BEGLEY, R.F.; ROTHBERG, J.M. Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. **Nature**, London, v. 437, p. 376–380, 2005.

MARQUES, M.F.O.; GUSMÃO, L.F.P.; MAIA, L.C. Riqueza de espécies de fungos conidiais em duas áreas de Mata Atlântica no Morro da Pioneira, Serra da Jibóia, BA, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, Porto Alegre, v. 22, p. 954-961, 2008.

MATOS, E.R. **Diversidade e biogeografia de fungos no solo sob a projeção da copa de espécies arbóreas da Mata Atlântica**. 2010. 93 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, 2010.

MATHER, P.M. **Computational methods of multivariate analysis in physical geography**. John Wiley and Sons, London, 1976, 532 p.

MAY, R.M. The dimensions of life of earth. In: RAVEN, P.H.; WILLIAMS, T. (Ed.). **Nature and Human Society: the Quest for a Sustainable World**. Washington, DC: National Academy Press, 2000. p. 30-45.

McCUNE, B.; MEFFORD, M.J. 1999. **PC-ORD - Multivariate analysis of ecological data, Version 4**. MjM Software Design, Gleneden Beach. Disponível em: <<http://home.centurytel.net/~mjm/pcordwin.htm>>. 1976. Acesso em: 7 fev. 2010.

McGRANTH, K.C.; THOMAS-HALL, S.R.; CHENG, C.T.; LEO, L.; ALEXA, A.; SCHMIDT, S.; SCHENK, P.M. Isolation and analysis of mRNA from environmental microbial communities. **Journal of Microbiological Methods**, Amsterdam, v. 75, p. 172-176, 2008.

MCGUIRE, K.L.; FIERER, N.; BATEMAN, C.; TRESEDER, K.K.; TURNER, B.L. Fungal Community Composition in Neotropical Rain Forests: the Influence of Tree Diversity and Precipitation. **Microbial Ecology**, New York, 2011. DOI 10.1007/s00248-011-9973-x

McLAUGHLIN, D.J.; HIBBETT, D.S.; LUTZONI, F.; SPATAFORA, J.W.; VILGLAYS, R. The search for the fungal tree of life. **Trends in Microbiology**, Cambridge, v. 17, p. 488–497, 2009.

MELE, P.M.; CROWLEY, D.E. Application of self-organizing maps for assessing soil biological quality. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, Amsterdam, v. 126, p. 139–152, 2008.

MESTRE, M.C.; ROSA, C.A.; SAFAR, S.V.B.; LIBKIND, D.; FONTENLA, S.B. Yeast communities associated with the bulk-soil, rhizosphere and ectomycorrhizosphere of a *Nothofagus pumilio* forest in northwestern Patagonia, Argentina. **FEMS Microbiology Ecology**, Amsterdam, v. 78, p. 531–541, 2011.

METCALF, D.A.; WILSON, C.R. The process of antagonism of *Sclerotium cepivorum* in white rot affected onion roots by *Trichoderma koningii*. **Plant Pathology**, Oxford, v. 50, p. 249-257, 2001.

METZGER, J.P. Conservation issues in the Brazilian Atlantic Forest. **Biological Conservation**, Essex, v. 142, p. 1138-1140. 2009.

MIDDELHOVEN, W.J.; SCORZETTI, G.; FELL, J.W. *Trichosporum porosum* comb.nov., an anamorphic basidiomycetous yeast inhabiting soil, related to the *loubieri* / *laibachii* group of species that assimilate hemicelluloses and phenolic compounds. **FEMS Yeast Research**, Amsterdam, v. 1, p. 15–22, 2001.

MITCHELL, J.I.; ZUCCARO, A. Sequences, the environment and fungi. **Mycologist**, New York, v. 20, p. 62-74, 2006.

MITTERMEIER, R.A.; GIL, P.R.; HOFFMANN, M.; PILGRIM, J.; BROOKS, J.; MITTERMEIER, C.G.; LAMOURUX, J.; FONSECA, G.A.B. **Hotspots revisited: earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions**. Washington: Cemex, DC, 2005. 392 p.

MIRANDA, M.L. de. **Diversidade de Oomycota do Parque Estadual da Serra da Cantareira, estado de São Paulo**. 2007. 116 p. Dissertação (Mestrado em Botânica) - Instituto de Botânica, São Paulo, São Paulo, 2007.

MORA, C.; TITTENSOR, D.P.; ADL, S.; SIMPSON, A.G.; WORM, B. How many species are there on Earth and in the ocean? **PLoS Biology**, San Francisco, v. 9, p. 1-8, 2011.

MORI, S.A.; BOOM, B.M.; FRANCE, G.T. Distribution patterns and conservation of eastern Brazilian coastal forest species. **Brittonia**, New York, v. 33, n. 2, p. 233-245, 1981.

MOTULSKY, H.J. 2007. **Prism 5 Statistics Guide, GraphPad Software Inc.** San Diego CA, U.S.A. Disponível em: <<http://www.graphpad.com/>>. Acesso em: 16 fev. 2011.

MUELLER, G.M.; SCHMIT, J.P. Fungal biodiversity: what do we know? What can we predict? **Biodiversity and Conservation**, London, v. 16, p. 1–5, 2007.

MUMMEY, D.L.; CLARKE, J.T.; COLE, C.A.; O'CONNOR, B.G.; GANNON, J.E.; RAMSEY, P.W. Spatial analysis reveals differences in soil microbial community interactions between adjacent coniferous forest and clearcut ecosystems. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 42, p. 1138-1147, 2010.

MUYZER, G.; WAAL, E. C.; UITTERLINDEN, A. G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction – amplified genes coding for 16S rRNA. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 59, p. 695-700, 1993.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R.A.; MITTERMEIER, C.G.; DA FONSECA, G.A.B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, London, v. 403, n. 24, 853-858, 2000.

MYERS, R.T.; ZAK, D.R.; WHITE, D.C.; PEACOCK, A. Landscape-Level Patterns of Microbial Community Composition and Substrate Use in Upland Forest Ecosystems. **Soil Science Society of American Journal**, Madison, v. 65, p. 359–367, 2001.

NAGY, L.G.; PETKOVITS, T.; KOVÁCS, G.M.; VOIGT, K.; VÁGVÖLGYI, C.; PAPP, T. Where is the unseen fungal diversity hidden? A study of *Mortierella* reveals a large contribution of reference collections to the identification of fungal environmental sequences. **New Phytologist**, Oxford, v. 191, p. 789–794, 2011.

NAVARRO-FERNANDEZ, C.M.; AROCA, R.; BAREA, J.M. Influence of arbuscular mycorrhizal fungi and water regime on the development of endemic *Thymus* species in dolomitic soils. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 48, p. 31–37, 2011.

NIE, M.; MENG, H.; LI, K.; WAN, J.-R.; QUAN, Z.-X.; FANG, C.-M.; CHEN, J.-K.; LI, B. Comparison of bacterial and fungal communities between natural and planted pine forests in subtropical China. **Current Microbiology**, New York, 2011.
DOI: 10.1007/s00284-011-0031-1

NIELSEN, U.N.; OSLER, G.H.R.; CAMPBELL, C.D.; BURSLEM, D.F.R.P.; WAL, R. van der. The influence of vegetation type, soil properties and precipitation on the composition of soil mite and microbial communities at the landscape scale. **Journal of Biogeography**, Malden, v. 37, p. 1317-1328, 2010.

NILSSON, L.O.; FALKENGREN-GRERU, P. U.; BAATH, E.; WALLANDER, H. N deposition in oak forests reduces mycelial growth by ectomycorrhizal fungi, while other soil microbes are more influenced by soil pH. **Oecologia**, Berlin, v. 153, p. 375–384, 2008.

NILSSON, R.H.; KRISTIANSSON, E.; RYBERG, M.; HALLENBERG, N.; LARSSON, K.H. Intraspecific ITS variability in the kingdom fungi as expressed in the international sequence databases and its implications for molecular species identification. **Evolutionary Bioinformatics**, New York, v. 4, p. 193–201, 2008.

O'BRIEN, H.E.; PARRENT, J.L.; JACKSON, J.A.; MONCALVO, J.M.; VILGALYS, R. Fungal community analysis by large-scale sequencing of environmental samples. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 71, n. 9, p. 5544-5550, 2005.

OGRAM, A. Soil molecular microbial ecology at age 20: methodological challenges for the future. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 32, p. 1499–1504, 2000.

OPIK, M.; METSIS, M.; DANIELL, T.J.; ZOBEL, M.; MOORA, M. Large-scale parallel 454 sequencing reveals host ecological group specificity of arbuscular mycorrhizal fungi in a boreonemoral forest. **New Phytologist**, Oxford, v. 184, p. 424–437, 2009.

PALFNER, G.; CASANOVA-KATNY, M.A.; READ, D.J. The mycorrhizal community in a forest chronosequence of Sitka spruce *Picea sitchensis* (Bong.) Carr. in northern England. **Mycorrhiza**, Berlin, v. 15, p. 571–579, 2005.

PASCOE, I.G. 1990. History of systematic mycology in Australia. In: HYDE, K.D.; LAI, S.R.; POINTING, S.B.; WONG, W.S.W. (Ed.). **Asian Mycological Congress 2000** (AMC 2000) Abstracts. Centre for Research in Fungal Diversity. Hong Kong: University of Hong Kong, p. 57.

PEREZ-NOVO, C.A.; CLAEYS, C.; SPELEMAN, F.; CAUWENBERGE, P.V.; BACHERT, C.; VANDESOMPELE, J. Impact of RNA quality on reference gene expression stability. **BioTechniques**, London, v. 39, p. 52–56, 2005.

PÉREZ-PIQUERES, A.; EDEL-HERMANN, V.; ALABOUVETTE, C.; STEINBERG, C. Response of soil microbial communities to compost amendments. **Soil Biology & Biochemistry**, Oxford, v. 38, p. 460–470, 2006.

PERSIANI, A.M.; CASADO, M.A. Diversity and variability in soil fungi from a disturbed tropical rain forest. **Mycologia**, New York, v. 90, n. 2, p. 206-214, 1998.

PFENNING, L.H.; ABREU, L.M. Diversity of microfungi in tropical soils. In: MOREIRA, F. M.S.; SIQUEIRA, J.O.; BRUSSAARD, L. (Ed.). **Soil biodiversity in Amazonian and other Brazilian ecosystems**. Wallingford: CABI, 2006. p. 184-205.

_____. Saprophytic and plant pathogenic soil-fungi. In: MOREIRA, F. M.; JEROEN-HUISING, E.; BIGNELL, D. E. (Ed.). **A handbook of tropical soil biology: sampling and characterization of below-ground biodiversity**. London: Earthscan, 2008. p. 149-157.

PIRES-ZOTTARELLI, C.L.A.; GOMES, A.L. Contribuição para o conhecimento de Chytridiomycota da “Reserva Biológica de Paranapiacaba”, Santo André, SP, Brasil. **Biota Neotropica**, São Paulo, v. 7, n. 3, p. 309-329, 2007.

PITT, J.I. **A laboratory guide to common *Penicillium* species**. 3rd ed. North Ryde: Food Science Australia, NSW, 2000. 197 p.

PORRAS-ALFARO, A.; LIPINSKI, K.; HERRERA, J.; NATVIG, D.O.; SINSABAUG, H. R.L. Diversity and distribution patterns of soil fungal communities in a semiarid grassland. **Mycologia**, New York, v. 103, p. 10-21, 2011.

PORRAS-SORIANO, A.; SORIANO-MARTÍN, M.L.; PORRAS-PIEDRA, A.; AZCÓN, R. Arbuscular mycorrhizal fungi increased growth, nutrient uptake and tolerance to salinity in olive trees under nursery conditions. **Journal of Plant Physiology**, Jena, v. 166, p. 1350-1359, 2009.

PORTER, T.M.; GOLDING, G.B. Are similarity- or phylogeny-based methods more appropriate for classifying internal transcribed spacer (ITS) metagenomic amplicons? **New Phytologist**, Oxford, v. 192, p. 1-8, 2011.

RAIJ, B. van, ANDRADE, J.C., CANTARELLA, H., QUAGGIO, J.A. **Análise química para avaliação da fertilidade de solos tropicais**. Campinas: Instituto Agronômico, 2001. 285 p.

RAMADAN, Z.; HOPKE, P.K.; JOHNSON, M.J.; SCOW, K.M. Application of PLS and back-propagation neural networks for the estimation of soil properties. **Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems**, Amsterdam, v. 75, p. 23–30, 2005.

RANKIN-DE-MERONA, J.M.; ACKERLY, D.D. Estudos populacionais de árvores em florestas fragmentadas e as implicações para conservação in situ das mesmas na Floresta Tropical da Amazônia Central. **Revista IPEF**, Piracicaba, v. 35, p. 47-59, 1987.

REIS, A.S.; FANTINI, A.C.; REIS, M.S.; GERRA, M.P.; DOEBELI, G. Aspectos sobre a conservação de biodiversidade e o manejo da floresta tropical Atlântica. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 4, p. 169-173, 1992.

RESENDE, M.; CURI, N.; REZENDE, S.B., CORRÊA, G.F. **Pedologia**: Base para distinção de ambientes. 4.ed. . Viçosa, MG: NEPUT, 2002. 338 p.

ROBE, P.; NALIN, R.; CAPELLANO, C.; VOGEL, T.M.; SIMONET, P. Extraction of DNA from soil. **European Journal of Soil Biology**, Paris, v. 39, p. 183-190, 2003.

RODRIGUES, K.F. The foliar fungal endophytes of the amazonian palm *Euterpe oleraceae*. **Mycologia**, New York, v. 86, p. 376-385, 1994.

RODRIGUES, K.F.; SAMUELS, G.J. Preliminary study of endophytic fungi in a tropical palm. **Mycological Research**, Cambridge, v. 94, p. 827-830, 1990.

RODRIGUES, K.F.; SAMUELS, G.J. Idriella species endophytic in palms. **Mycotaxon**, Ithaca, v. 43, p. 271-276, 1992.

RODRIGUES, K.F.; SAMUELS, G.J. Letendraeopsis palmarum, a new genus and species of loculoascomycetes. **Mycologia**, New York, v. 86, p. 254-258, 1994.

RODRIGUES, K.F.; SAMUELS, G.J. Fungal endophytes of Spondias mombin leaves in Brazil. **Journal of Basic Microbiology**, Berlin, v. 39, p. 131-135, 1999.

RODRIGUES, R.R. **Diversidade, dinâmica e conservação em florestas do Estado de São Paulo – 40ha de parcelas permanentes**. Piracicaba: ESALQ; Depto. Ciências Biológicas, 2005. 327 p. (Relatório científico, 3).

RODRIGUES, R.R.; SOUZA, V.C; IVANAUSKAS, N.M.; OLIVEIRA, A.A.; FRANCO, G.A.D.C.; DURIGAN, G. Diversidade, dinâmica e conservação em florestas do estado de São Paulo – 40 ha de parcelas permanentes. In: SANQUETTA, C.R. (Org.). **Experiências de monitoramento no Bioma Mata Atlântica com uso de parcelas permanentes**. Curitiba: C.R. Sanquetta, 2008. cap.3, p. 81-107.

ROOSE-AMSALEG, C.L.; GARNIER-SILLAM, E.; HARRY, M. Extraction and purification of microbial DNA from soil and sediment samples. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 18, p. 47-60, 2001.

ROSCOE, R.; MERCANTE, F.M.; MENDES, I.C.; REIS JÚNIOR, F.B.; SANTOS, J.C.F.; HUNGRIA, M. Biomassa microbiana do solo: Fração mais ativa da matéria orgânica. In: ROSCOE, R.; MERCANTE, F.M.; SALTON, J.C. (Ed.). **Dinâmica da matéria orgânica do solo em sistemas conservacionistas. Modelagem matemática e métodos auxiliares**. Dourados: EMBRAPA Agropecuária Oeste, 2006. p. 163-198.

RUEGGER, M.J.S.; TAUKE-TORNISIELO, S.M. Atividade da celulase de fungos isolados do solo da Estação Ecológica de Juréia-Itatins, São Paulo, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 27, n. 2, p. 205-211, 2004.

SANTIAGO, D.V.R.; DIANESE, J.C. Revisão taxonômica de algumas espécies de *Ravenelia* em leguminosas do cerrado brasileiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 28, p. 16-25, 2003.

SATISH, N.; SULTANA, S.; NANJUNDIAH, V. Diversity of soil fungi in a tropical deciduous forest in Mudumalai, southern India. **Current Science**, Columbus, v. 9, p. 669-677, 2007.

SCHADT, C.W.; MARTIN, A.P.; LIPSON, D.A.; SCHMIDT, S.K. Seasonal dynamics of previously unknown fungal lineages in Tundra soils. **Science**, Washington, v. 301, p. 1359-1361, 2003.

SCHMIT, J.P.; MUELLER, G.M. An estimate of the lower limit of global fungal diversity. **Biodiversity and Conservation**, London, v. 16, p. 99 – 11, 2007.

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. Microscopic fungi in the Atlantic Rainforest in Cubatão, São Paulo, Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, São Paulo, v. 37, p. 267-275, 2006.

Schweiger, F.; Tebbe, C.C. A new approach to utilise PCR-single-strand-conformation polymorphism for 16S rRNA gene-based microbial community analysis. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 64, p. 4870-4876, 1998.

SMIT, E.; LEEFLANG, P.; GLANDORF, B.; van ELSAS, J.D.; WERNARS, K. Analysis of fungal diversity in the wheat rhizosphere by sequencing cloned pcr-amplified genes encoding 18S rRNA and temperature gradient gel electrophoresis. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 65, p. 2614-2621, 1999.

SILVA, A.C.; HORÁK, I.; VIDAL-TORRADO, P.; MARTINEZ-CORTIZAZ, A.; RACEDO, J.R.; CAMPOS, J.R.R. Turfeiras da Serra do Espinhaço Meridional – MG: I- caracterização e classificação. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 33, p. 1385-1398, 2009.

SOARES, D.J. FERREIRA, F.A.; BARRETO, R.W. First report of the aecial stage of *Puccinia scirpi* on *Nymphoides indica* in Brazil, with comments on its worldwide distribution. **Australasian Plant Pathology**, Collingwood, v. 35, p. 81-84, 2006.

SPARKS, D.L. The Chemistry of Saline and Sodic Soils. In: SPARKS, D.L. **Environmental Soil Chemistry**. USA: Copyright, 2003. p. 285-300.

SWIFT, R.S. Organic Matter Characterization. In: **Methods of Soil Analysis**. Madison: SSSA, 1996. pt.3 p.1011-1069. (Book Series, 5).

TEDERSOO, L.; NILSSON, R.H.; ABARENKOV, K.; JAIRUS, T.; SADAM, A.; SAAR, I.; BAHRAM, M.; BECHEM, E.; CHUYONG, G.; KÖLJALG, U. 454 pyrosequencing and Sanger sequencing of tropical mycorrhizal fungi provide similar results but reveal substantial methodological biases. **New Phytologist**, Oxford, v. 166, p. 1063 – 1068, 2010.

THAKURIA, D.; SCHMIDT, O.; MAC SIÚRTÁIN, M.; EGAN, D.; DOOHAN, F.M. Importance of DNA quality in comparative soil microbial community structure analyses. **Soil Biology and Biochemistry**, Oxford, v. 40, p. 1390-1403, 2009.

THORN, R.G.; REDDY, C.A.; HARRIS, D.; PAUL, E.A. Isolation of saprophytic basidiomycetes from soil. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 62, p. 4288-4292, 1996.

THORN, G. The fungi in soil. In: VAN ELSAS, J.D.; TREVES, D.S.; WELLINGTON, E.M.H. eds. **Modern Soil Microbiology**. New York: Marcel Dekker, 1997. p. 63–127.

TIUNOV, A.V.; SCHEU, S. Microfungal communities in soil, litter and casts of *Lumbricus terrestris* L. (Lumbricidae), a laboratory experiment. **Applied Soil Ecology**, Amsterdam, v. 14, p. 17-26, 2000.

TSAO, P.H.; ERWIN, D.C.; BARTNICKI-GARCIA, S. **Phytophthora**: its biology, taxonomy, ecology and pathology. Saint Paul: APS, 1983. 392 p.

VALÁŠKOVÁ, V.; BALDRIAN, P. Denaturing gradient gel electrophoresis as a fingerprinting method for the analysis of soil microbial communities. **Plant and soil Environment**, Praha, v. 55, p. 413–423, 2009.

VANCE, E.D.; BROOKES, P.C.; JENKINSON, D.S. **Soil Biology and Biochemistry**, Oxford, v. 19, p. 1023-27, 1987.

VAN ELSAS, J.D.; DUARTE, G.F.; WOLTERS, A.K.; SMIT, E. Analysis of the dynamics of fungal communities in soil via fungal-specific PCR of soil DNA followed by denaturing gradient gel electrophoresis. **Journal of Microbiological Methods**, Amsterdam, v. 43, p. 133-151, 2000.

VERGHESE, G. Soil microflora of plantations and natural rain forest of West Malaysia. **Mycopathologia et Mycologia Applicata**, The Hague, v. 48, p. 43-61, 1972.

WALLANDER, H.; JOHANSSON, U.; STERKENBURG, E.; DURLING, M.B.; LINDAHL, B.D. Production of ectomycorrhizal mycelium peaks during canopy closure in Norway spruce forests. **New Phytologist**, Oxford, v. 187, p. 1124–1134, 2010.

WIDDEN, P.; PARKINSON, D. Fungi from Canadian coniferous forest soils. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 51, p. 275-2290, 1973.

WHITE, T.J.; BRUNS, T.; LEE, S.; TAYLOR, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M.A., GELFAND, D.H., SNINSKY, J.J.; WHITE, T.J. (Ed.). **PCR Protocols: a guide to methods and applications**. San Diego: Academic Press, 1990. p. 315-322.

WHITE, M.M.; JAMES, T.Y.; O'DONNELL, K.; CAFARO, M.J.; TANABE, Y.; SUGIYAMA, J. Phylogeny of the Zygomycota based on nuclear ribosomal sequence data. **Mycologia**, New York, v.98, p. 872-884, 2006.

ZECH, W.; SENESI, N.; GUGGENBERGER, G.; KAISER, K; LEHMANN, J.; MIANO, T.M.; MILTNER, A.; SCHROTH, G. Factors controlling humification and mineralization of soil organic matter in the tropics. **Geoderma**, Amsterdam, v. 79, p. 117-161, 1997.

ZELLES, L.; BAI, Q.; BECK, T.; BEESE, F. Signature fatty acids in phospholipids and lipopolysaccharides as indicators of microbial biomass and community structure. **Soil Biology and Biochemistry**, Oxford, v. 24, p. 317-323, 1992.

ZHANG, Z.; SCHWARTZ, S.; WAGNER, L.; MILLER, W. A greedy algorithm for aligning DNA sequences. **Journal of Computational Biology**, New York, v. 7, p. 203-214, 2000.

ANEXOS

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continua)

130

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Trichosporon porosum</i>	HQ005756.1	96%	3.00E-143	96%	3413
2	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus podzolicus</i>	FN428924.1	100%	2.00E-170	100%	1992
3	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus flaveszens</i>	AB085806.1	95%	2.00E-150	88%	1716
7	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria radicola</i>	GU934581.1	100%	2.00E-170	100%	853
8	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita grandis</i>	GQ925396.1	100%	2.00E-56	80%	552
10	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Lepdotontium</i> sp.	GU062199.1	100%	1.00E-143	95%	1047
11	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita oleosa</i>	GQ925398.1	100%	2.00E-60	80%	300
12	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Phialocephala fusca</i>	AF486122.1	100%	3.00E-104	88%	255
14	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma applanatum</i>	AJ608709.1	100%	7.00E-160	98%	302
16	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Trichomonascaceae	<i>Sugiyamaella americana</i>	HM208605.1	64%	2.00E-61	97%	366
17	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chaetosphaeria</i> sp.	HQ630994.1	100%	6.00E-151	96%	696
18	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	7.00E-150	96%	197
19	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-145	95%	250
21	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	2.00E-80	83%	155
22	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria mariannaeae</i>	EU273515.1	100%	2.00E-170	100%	328
23	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	NC	<i>Mortierellales</i> sp.	EF126336.1	100%	9.00E-169	99%	566
24	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	5.00E-142	94%	170
25	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Ramariopsis kunzei</i>	GU187552.1	100%	6.00E-81	84%	345
26	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ612846.1	100%	2.00E-170	100%	353
28	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrophorus olivaceoalbus</i>	FJ845410.1	100%	1.00E-57	80%	181
29	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Rhytismatales	Rhytismataceae	<i>Coccomyces mucronatus</i>	GU367905.1	100%	5.00E-77	83%	164
30	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chaetosphaeria</i> sp.	GU973742.1	95%	7.00E-155	98%	289
33	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	2.00E-126	92%	182
34	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160943.1	48%	9.00E-20	100%	171
36	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Tricosporon laibachii</i>	EU559348.1	95%	1.00E-147	97%	370

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST
(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
37	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita oleosa</i>	GQ925398.1	98%	2.00E-70	82%	122
39	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Gyoeffiyella</i> sp.	EF601628.1	100%	4.00E-118	90%	257
40	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Lactarius rubroviolascens</i>	AY606984.1	100%	2.00E-70	82%	108
42	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phialea strobilina</i>	EF596821.1	100%	2.00E-146	95%	134
45	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598055.1	46%	3.00E-19	97%	413
46	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Sarcodon atroviridis</i>	EU293831.1	95%	2.00E-65	82%	17
47	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	7.00E-150	96%	362
50	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	142
51	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Lophiostomataceae	<i>Lophiostoma chamaecyparidis</i>	GU361936.1	73%	2.00E-96	93%	257
53	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella ellisii</i>	HQ406823.1	100%	3.00E-144	89%	111
54	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ascomycete</i> sp.	AJ279453.1	95%	5.00E-158	100%	118
55	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis mangiferae</i>	GU722595.1	100%	9.00E-169	99%	118
56	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Sporothrix</i> sp.	FJ430781.1	78%	1.00E-37	91%	140
57	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Trichodema aspetellum</i>	GQ265954.1	100%	3.00E-168	99%	362
58	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	6.00E-111	89%	117
60	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Pyronemataceae</i> sp.	GQ281482.1	50%	4.00E-48	88%	501
61	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-150	96%	74
62	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	7.00E-61	81%	123
63	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Blastobotrys nivea</i>	FM178346.1	50%	2.00E-55	91%	100
64	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Tricholoma cf. terreum</i>	DQ097883.1	56%	2.00E-61	100%	100
65	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria zollingeri</i>	AY854071.1	100%	6.00E-66	82%	89
66	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ613095.1	100%	2.00E-170	100%	145
67	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Blastobotrys nivea</i>	FM178346.1	50%	2.00E-55	91%	170
69	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Pyronemataceae</i> sp.	GQ281482.1	50%	9.00E-50	89%	79
71	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Hyphodiscus hymeniophilus</i>	DQ227258.1	100%	5.00E-142	94%	87

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

132

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
73	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Phialocephala xalapensis</i>	AF486131.1	100%	2.00E-170	100%	105
76	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	9.00E-169	99%	101
78	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	NC	Myxotrichaceae	<i>Myxotrichum caminoparum</i>	AF062812.1	55%	1.00E-63	91%	60
82	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnaporthaceae	<i>Magnaporthe grisea</i>	DQ493955.1	100%	5.00E-92	85%	84
87	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Gyoeffiyella</i> sp.	EF601608.1	98%	3.00E-144	90%	220
88	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	3.00E-84	85%	91
89	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	5.00E-122	91%	118
91	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	5.00E-117	90%	110
92	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	2.00E-136	93%	55
96	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Phyllachorales	NC	<i>Verticillium dahliae</i>	DQ282123.1	100%	4.00E-152	96%	234
98	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps ophioglossoides</i>	EU586043.1	100%	1.00E-157	97%	108
99	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps ophioglossoides</i>	EU586043.1	100%	2.00E-135	93%	71
104	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Coniochaetales	Coniochaetaceae	<i>Lecytophora</i> sp.	GU062217.1	99%	3.00E-104	88%	234
105	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Pelysporales	NC	<i>Junghuhnia nitida</i>	GU062227.1	58%	4.00E-48	98%	71
106	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	45%	3.00E-19	97%	49
108	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Thozetella</i> sp.	GU973741.1	95%	5.00E-122	92%	87
112	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Marasmius selangorensis</i>	FJ431274.1	66%	5.00E-62	93%	48
114	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Anthostomella sepiabilis</i>	AY908989.1	87%	5.00E-112	92%	73
115	Bas.	Agaricomycotina	Dacrymycetes	Dacrymycetales	Dacrymycetaceae	<i>Dacryopinax spathularia</i>	AY854070.1	87%	3.00E-89	87%	122
116	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia triticina</i>	EU014050.1	50%	5.00E-22	97%	79
118	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	8.00E-90	85%	69
121	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	2.00E-115	90%	156
122	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Trametes versicolor</i>	AF139961.2	100%	2.00E-56	80%	74
123	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomyces	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	3.00E-109	88%	58
124	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	6.00E-116	90%	143

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
127	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	3.00E-20	97%	43
128	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160946.1	48%	9.00E-20	100%	38
131	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	2.00E-150	96%	126
132	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	2.00E-85	85%	47
133	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreomycetidae	<i>Stilbella aciculosa</i>	HM216212.1	100%	1.00E-167	99%	82
134	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	5.00E-97	87%	64
136	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	100%	4.00E-103	88%	37
137	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera melastomae</i>	AB118872.1	89%	1.00E-72	93%	50
139	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Dictyochoeta simplex</i>	EF029233.1	90%	1.00E-107	91%	55
140	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	48%	3.00E-54	91%	81
141	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	99%	4.00E-103	88%	40
143	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma philippii</i>	AJ608713.1	100%	1.00E-142	94%	74
144	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Tricholoma imbricatum</i>	AF462637.1	100%	3.00E-44	78%	58
146	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Geastrales	Geastraceae	<i>Geastrum floriforme</i>	EU784231.1	100%	1.00E-82	85%	46
149	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita clarisquamosa</i>	FJ375331.1	50%	1.00E-52	97%	36
150	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola verrucosa</i>	AY706320.1	100%	2.00E-75	83%	81
151	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Sarcodon atroviridis</i>	EU293831.1	95%	3.00E-124	92%	49
157	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Incrucipulum radiatum</i>	AB481262.1	100%	4.00E-73	95%	87
158	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Sarcodon atroviridis</i>	EU326187.1	100%	2.00E-125	91%	37
159	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron griseum</i>	AY624310.1	100%	3.00E-124	91%	156
162	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	2.00E-110	89%	40
163	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Microdochium</i> sp.	AM502265.1	100%	8.00E-130	92%	67
164	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160946.1	48%	4.00E-18	100%	74
166	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria cinnabarina</i>	GU062225.1	98%	4.00E-68	82%	52
171	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Gyoerffyyella</i> sp.	EF601625.1	98%	4.00E-133	93%	93

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
173	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ613056.1	100%	7.00E-160	98%	61
175	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Agaricaceae	<i>Leucoagaricus croceovelutinus</i>	GQ329061.1	100%	6.00E-66	81%	36
176	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	2.00E-105	88%	80
177	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	100%	3.00E-104	88%	70
180	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	98%	2.00E-131	93%	25
181	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	8.00E-80	84%	40
182	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	1.00E-127	92%	44
183	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Microglossum rufum</i>	AY144533.1	100%	8.00E-90	85%	28
185	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	51%	3.00E-19	97%	34
187	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	49%	3.00E-54	90%	68
188	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Phyllachorales	Phyllachoraceae	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	EU326201.1	100%	2.00E-155	97%	42
191	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FN811925.1	100%	5.00E-97	87%	134
192	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	1.00E-132	93%	33
195	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	1.00E-132	93%	60
196	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Picoa juniperi</i>	GU391564.1	57%	2.00E-55	88%	36
200	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	99%	8.00E-115	90%	59
203	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865607.1	89%	1.00E-83	86%	76
206	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	7.00E-21	97%	58
209	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Aspergillus cervinus</i>	AJ874118.1	100%	6.00E-146	95%	33
210	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	1.00E-143	95%	24
211	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Articulospora tetracladia</i>	EU998928.1	100%	1.00E-117	90%	45
212	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron truncatum</i>	GU062231.1	100%	2.00E-106	88%	33
213	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria calvescens</i>	HM161457.1	100%	4.00E-43	78%	32
214	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Podospora appendiculata</i>	AY999126.1	100%	1.00E-107	88%	53
216	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Anthostomella eucalyptorum</i>	DQ890026.1	89%	6.00E-116	93%	40

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
220	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus custos</i>	GQ205075.1	45%	2.00E-40	88%	32
223	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Trichophaea woolhopeia</i>	GU811247.1	51%	3.00E-54	90%	45
225	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	2.00E-61	81%	30
230	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	Arthrodermataceae	<i>Arthroderma multifidum</i>	AB361651.1	48%	7.00E-41	98%	56
232	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	2.00E-121	91%	39
234	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cladorrhinum samala</i>	FM955447.1	100%	1.00E-113	89%	34
235	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	44%	7.00E-26	100%	25
236	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Ochrocladosporium elatum</i>	GU248334.1	100%	5.00E-127	91%	51
237	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	51%	4.00E-53	89%	29
240	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Entolomataceae	<i>Entoloma chalybaeum</i> var. <i>lazulinum</i>	EU784214.1	100%	1.00E-72	82%	48
244	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	Ajellomycetaceae	<i>Ajellomyces dermatitidis</i>	U18364.1	100%	9.00E-55	79%	61
246	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Trichoderma spirale</i>	EU280082.1	100%	2.00E-170	100%	125
250	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Arrhenia lobata</i>	U66429.1	57%	7.00E-61	99%	43
251	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Passalora arachidicola</i>	AY266154.1	53%	1.00E-57	100%	38
252	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	48%	7.00E-26	100%	41
256	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Wahlenbergiella mucosa</i>	FJ664875.1	35%	2.00E-31	89%	32
257	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	2.00E-141	94%	46
258	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium roridum</i>	AJ301993.1	100%	3.00E-139	94%	66
260	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria denudata</i>	FJ664844.1	95%	4.00E-68	83%	16
261	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria lugdunensis</i>	DQ247776.1	100%	2.00E-126	92%	70
262	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Hydnотryopsis setchellii</i>	DQ974735.1	54%	2.00E-55	89%	41
264	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	2.00E-81	84%	20
265	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	1.00E-128	92%	50
270	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	2.00E-115	90%	30
271	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma cupreum</i>	AY569450.1	100%	4.00E-162	98%	23

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

136

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
274	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus sp.</i>	AJ504641.1	100%	5.00E-117	90%	97
275	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	2.00E-51	79%	92
276	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe cf. cantharellus</i>	HM020689.1	48%	7.00E-31	100%	57
277	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothiriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala dermatitidis</i>	DQ826738.1	100%	6.00E-111	89%	26
280	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Hymenochaetales	NC	<i>Resinicium friabile</i>	DQ826544.1	100%	2.00E-141	94%	16
282	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Pezizaceae sp.</i>	EU819507.1	47%	2.00E-46	89%	20
285	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Blastobotrys nivea</i>	FM178346.1	47%	3.00E-44	88%	22
286	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	1.00E-143	95%	73
287	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Calonectria polizzii</i>	GQ280667.1	100%	9.00E-169	99%	70
289	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Tricladium splendens</i>	AY204635.1	99%	2.00E-155	97%	26
292	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus meristoporus</i>	EF392533.1	49%	5.00E-32	97%	36
295	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps nutans</i>	AB544491.1	45%	3.00E-34	85%	55
297	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Dendroclathra lignicola</i>	EU873530.1	98%	2.00E-70	82%	23
300	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps nutans</i>	AB544489.1	48%	9.00E-35	84%	159
304	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Podospira didyma</i>	AY999127.1	100%	4.00E-83	84%	24
305	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	99%	5.00E-57	80%	14
307	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Ramariopsis kunzei</i>	GU187552.1	100%	1.00E-83	84%	37
309	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella longicaudata</i>	AY999131.1	100%	5.00E-82	84%	38
311	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	1.00E-113	89%	29
315	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Calluna vulgaris root associated fungus</i>	FM172871.1	73%	5.00E-87	91%	29
316	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Fungal sp.</i>	FN811925.1	99%	8.00E-85	85%	27
317	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Corticiales	Vuilleminiacae	<i>Vuilleminia comedens</i>	FN539056.1	100%	1.00E-53	80%	23
319	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Gliocephalotrichum cylindrosporum</i>	FJ481051.1	100%	3.00E-159	97%	19
322	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Anthoslomella brabeji</i>	EU552098.1	100%	4.00E-138	94%	21
323	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	7.00E-21	97%	67

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
335	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria</i> sp.	FJ664884.1	86%	2.00E-76	93%	24
336	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	1.00E-63	81%	11
337	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Cadophora finlandica</i>	HQ406816.1	72%	7.00E-71	100%	58
338	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	3.00E-20	97%	16
339	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	100%	8.00E-105	88%	35
343	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Dendroclathra lignicola</i>	EU873530.1	100%	1.00E-88	85%	22
345	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Chytridiales	Endochytriaceae	<i>Endochytrium</i> sp.	AY997044.1	42%	4.00E-33	86%	16
346	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016381.1	100%	1.00E-97	87%	4
351	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	8.00E-145	95%	4
354	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	49%	3.00E-49	89%	11
357	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Talaromyces byssosclamydoides</i>	FJ548826.1	100%	3.00E-54	79%	11
358	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Verruscisporota protecearum</i>	FJ839635.1	98%	6.00E-71	83%	35
360	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Lauriomyces heliocephalus</i>	FJ839624.1	100%	1.00E-117	90%	19
361	Bas.	Pucciniomycotina	Agaricostilbomycetes	NC	NC	<i>Kurtzmanomyces insolitus</i>	AF444594.1	35%	2.00E-35	90%	15
363	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	100%	2.00E-90	85%	23
364	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnaporthaceae	<i>Phialophora</i> sp.	FJ903315.1	100%	6.00E-131	92%	49
365	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	4.00E-167	99%	19
369	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Phyllachorales	Phyllachoraceae	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	HM216207.1	100%	4.00E-167	99%	16
371	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella badia</i>	EU819522.1	100%	2.00E-131	92%	25
375	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis mangiferae</i>	GU722595.1	98%	1.00E-112	90%	16
379	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Teratosphaeriaceae	<i>Teratosphaeria acidotherma</i>	AB537901.1	34%	3.00E-39	94%	30
380	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	AJ969619.1	64%	2.00E-40	94%	86
381	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Aciculosporium take</i>	EF363683.1	100%	6.00E-96	86%	10
386	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Phaeangium lefebvrei</i>	GU391563.1	56%	9.00E-50	87%	27
388	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-145	95%	19

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
389	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	Aethrodermataceae	<i>Arthroderma otae</i>	HQ014706.1	43%	4.00E-53	94%	16
391	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	3.00E-20	97%	11
394	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	1.00E-103	88%	25
396	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	47%	3.00E-44	88%	31
397	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Acarosporales	Acarosporaceae	<i>Acarospora bullata</i>	GU184113.1	53%	5.00E-47	86%	36
400	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	8.00E-115	90%	17
404	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia triticina</i>	EU014050.1	50%	5.00E-22	97%	19
405	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	NC	<i>Penidiella eucalypti</i>	EU882133.1	100%	1.00E-63	81%	33
406	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophyidium</i> sp.	AY349124.1	98%	4.00E-53	79%	34
407	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	100%	5.00E-97	87%	12
411	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Tremella encephala</i>	EU673083.1	92%	3.00E-89	86%	23
412	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Helotiales</i> sp.	FN678828.1	100%	1.00E-73	82%	18
413	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Incrupiculum radiatum</i>	AB481262.1	100%	8.00E-105	88%	12
415	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Eurotium amstelodami</i>	AF455536.1	99%	3.00E-69	82%	27
418	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FN811925.1	97%	4.00E-83	84%	33
420	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Rhizopus microsporus</i>	AB381937.1	17%	2.00E-16	96%	45
422	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	5.00E-142	94%	11
425	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron truncatum</i>	GU062231.1	100%	3.00E-104	88%	15
426	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiochaeraceae	<i>Cercophora sparsa</i>	AY587912.1	100%	5.00E-87	85%	5
429	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cosmospora vilior</i>	GU067755.1	100%	3.00E-143	95%	21
430	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Pezizaceae</i> sp.	EU819507.1	47%	2.00E-46	89%	28
434	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504640.1	100%	8.00E-115	89%	28
435	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	1.00E-118	90%	20
436	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	33
437	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Cadophora finlandica</i>	AB543058.1	100%	3.00E-119	90%	31

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
441	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium taii</i>	AJ309345.1	100%	7.00E-165	99%	66
444	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Sarcodon atroviridis</i>	EU293831.1	95%	2.00E-60	81%	13
448	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron truncatum</i>	FJ914713.1	62%	3.00E-59	100%	13
449	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	99%	1.00E-93	86%	10
450	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium psammosporum</i>	GU566287.1	100%	4.00E-93	86%	17
451	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Verticillium chlamydosporium</i>	AJ291806.1	100%	2.00E-165	99%	22
452	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Vertexicola confusa</i>	AF177151.1	100%	6.00E-81	84%	8
454	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911448.1	47%	7.00E-51	90%	21
458	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-125	92%	13
459	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	99%	1.00E-77	83%	21
461	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Coniosporium</i> sp.	AJ971444.1	100%	2.00E-81	84%	20
462	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Sorocybe resinae</i>	EU030275.1	85%	3.00E-99	90%	13
467	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	GU566252.1	100%	1.00E-127	92%	13
468	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	2.00E-111	89%	72
469	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	14
470	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnaporthaceae	<i>Phialophora</i> sp.	FJ541439.1	99%	6.00E-76	83%	9
471	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Trichosporon porosum</i>	HQ005756.1	96%	2.00E-151	97%	909
472	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala</i> sp.	EU035421.1	100%	1.00E-112	90%	9
476	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Podospora appendiculata</i>	AY999126.1	100%	5.00E-72	82%	25
478	Lbf.	NC	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella elongata</i>	AB542112.1	100%	7.00E-160	98%	48
486	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella alpina</i>	AJ271630.1	100%	8.00E-120	90%	18
487	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Amylocorticiales	Amylocorticiaceae	<i>Amylocorticium cebennense</i>	GU187505.1	65%	1.00E-47	98%	19
490	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Inocybaceae	<i>Inocybe cf. flacella</i>	FJ904129.1	100%	2.00E-70	82%	21
491	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Dokmaia montheadangii</i>	DQ780454.1	100%	2.00E-166	99%	50
492	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Paecilomyces fumosoroseus</i>	AB086629.1	100%	2.00E-170	100%	22

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
496	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Dictyochoeta simplex</i>	EF029233.1	90%	2.00E-110	91%	14
502	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	NC	<i>Microcyclospora malicola</i>	GU570538.1	30%	2.00E-35	95%	14
503	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626002.1	100%	5.00E-62	81%	16
504	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Corallocytostroma ornithocopreoides</i>	AJ557075.2	46%	2.00E-46	89%	23
505	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella karachiensis</i>	AY999128.1	100%	1.00E-118	90%	29
508	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AM980842.1	96%	2.00E-101	88%	42
514	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium sp.</i>	GQ331985.1	100%	1.00E-122	91%	41
516	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida sp.</i>	DQ911448.1	47%	7.00E-51	90%	85
519	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Trichocladium asperum</i>	AM292050.1	100%	6.00E-111	89%	15
521	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Agyriales	Agyriaceae	<i>Placopsis lambii</i>	AY212819.1	62%	4.00E-58	98%	31
523	Lbf.	NC	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella elongata</i>	AB542111.1	99%	1.00E-73	83%	19
526	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Symbiotaphrina kochii</i>	DQ248314.1	100%	1.00E-78	83%	80
528	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Neotyphodium occultans</i>	AB237146.1	100%	3.00E-124	91%	9
529	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Pochonia chlamydosporia</i>	GQ369959.1	92%	8.00E-150	98%	11
532	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	100%	1.00E-97	87%	19
534	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-140	94%	15
535	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	18
537	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Halosphaeriaceae	<i>Corollospora portsaidica</i>	AB361031.1	43%	9.00E-40	97%	9
540	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Glarea lozoyensis</i>	FJ005113.1	61%	9.00E-55	86%	10
543	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps nutans</i>	AB544491.1	45%	3.00E-29	83%	24
546	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Verticillium tenerum</i>	GQ131880.1	48%	3.00E-49	89%	37
549	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Gymnopilus suberis</i>	AY281015.1	100%	4.00E-113	90%	20
552	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium cucurbitacearum</i>	DQ825963.1	100%	3.00E-154	96%	13
554	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Teratosphaeriaceae	<i>Teratosphaeria associata</i>	EU707858.1	100%	8.00E-70	82%	9
555	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium dimerium</i>	FR717906.1	48%	7.00E-36	84%	6

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
556	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Halosphaeriaceae	<i>Monodictys artica</i>	EU686522.1	100%	3.00E-79	83%	9
557	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Mycorrhizal ascomycete</i>	AB089663.1	89%	3.00E-129	95%	22
558	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	1.00E-113	90%	13
562	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Physciaceae	<i>Diplotomma venustum</i>	AF540515.1	39%	2.00E-36	89%	15
563	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Petigerales	Lobariaceae	<i>Lobaria macaronesia</i>	GU072749.1	100%	2.00E-65	81%	16
581	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylariaceae</i> sp.	EU009987.1	100%	1.00E-132	93%	13
583	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium waksmanii</i>	GU566232.1	100%	2.00E-165	99%	31
587	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Cylindrocladiella peruviana</i>	EU551192.1	98%	3.00E-159	98%	24
588	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ612666.1	100%	8.00E-130	93%	3
590	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Trametes trogii</i>	HM989941.1	100%	1.00E-112	89%	6
591	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Microglossum viride</i>	AY144534.1	99%	1.00E-113	89%	14
592	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	55%	5.00E-52	87%	5
597	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae	<i>Pichia fermentans</i>	DQ665260.1	100%	7.00E-165	99%	16
598	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophyidium</i> sp.	AY349121.1	100%	2.00E-166	99%	35
600	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces</i> sp.	FN859444.1	100%	4.00E-53	79%	18
602	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Ramariopsis kunzei</i>	GU187552.1	100%	8.00E-85	84%	19
604	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	1.00E-137	94%	5
606	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Aquaticola hongkongensis</i>	AF177156.1	100%	6.00E-91	85%	13
607	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pileolariaceae	<i>Pileolaria terebinthi</i>	HM639744.1	50%	1.00E-28	100%	13
609	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Exidiaceae	<i>Exidia glandulosa</i>	AY509555.1	100%	1.00E-77	83%	11
613	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392539.1	36%	7.00E-26	86%	8
614	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Sadenomella diversispora</i>	GQ169318.1	100%	1.00E-103	88%	14
623	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps ophioglossoides</i>	EU834213.1	100%	3.00E-143	95%	40
624	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaeae	<i>Sebacina vermifera</i>	DQ983814.1	100%	2.00E-121	91%	10
626	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	3.00E-124	91%	11

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
629	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Puccinales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	3.00E-20	97%	11
632	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Arthrobotrys arcuata</i>	AF106527.1	100%	7.00E-86	84%	16
633	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus meristoporus</i>	EF392533.1	60%	4.00E-38	100%	15
635	Asc.	Pezizomycotina	Geoglossomycetes	Geoglossales	Geoglossaceae	<i>Geoglossum fallax</i>	AY789405.1	100%	2.00E-76	83%	43
636	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Sporidiobolus</i> sp.	AY015435.1	45%	2.00E-42	88%	32
637	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	30
638	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	4.00E-103	87%	30
639	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	3.00E-149	96%	15
640	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Allantophomopsis lycopodina</i>	AB041243.1	99%	1.00E-127	92%	29
645	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	NC	NC	<i>Pezizomycetes</i> sp.	GQ153018.1	55%	1.00E-47	86%	35
646	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	NC	Rhynchostomataceae	<i>Rhynchostoma proteae</i>	U552154.1	100%	3.00E-59	80%	12
647	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	100%	5.00E-77	84%	7
653	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	1.00E-158	97%	33
655	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Rhizoscyphus ericae</i>	AM084704.1	100%	2.00E-160	98%	21
656	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	60%	5.00E-42	97%	13
659	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	99%	1.00E-88	85%	33
661	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	1.00E-103	88%	14
662	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida lignohabitans</i>	HM208611.1	95%	8.00E-80	84%	11
668	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Clavulinaceae	<i>Clavulina cf. amethystina</i>	GU550110.1	100%	1.00E-127	92%	10
669	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	46%	1.00E-47	89%	7
670	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	50%	7.00E-31	97%	11
676	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Calosphaeriales	Calosphaeriaceae	<i>Pleurostoma ootheca</i>	AY725469.1	100%	1.00E-72	82%	17
679	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016384.1	100%	6.00E-86	84%	10
681	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium flavoviride</i>	AY646383.1	100%	2.00E-165	99%	37

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
683	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phialea strobilina</i>	EF596821.1	100%	3.00E-153	96%	41
690	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaeae	<i>Sebacina</i> sp.	DQ974769.1	95%	7.00E-61	81%	36
692	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Lecanicillium saksenae</i>	AB360363.1	100%	3.00E-139	94%	15
695	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita aerolata</i>	AB167727.1	96%	4.00E-63	81%	9
697	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	HQ406811.1	100%	6.00E-131	92%	17
703	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	3.00E-64	81%	8
704	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Volutella ciliata</i>	AJ301966.1	100%	1.00E-147	95%	5
709	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	97%	5.00E-122	91%	8
710	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Massariaceae	<i>Massarina rubi</i>	AF383963.1	100%	6.00E-96	86%	53
713	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Trichopezizella</i> sp.	AB481289.1	65%	9.00E-75	98%	13
715	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Terfezia claveryi</i>	HM352545.1	56%	1.00E-33	100%	120
717	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Stilbella byssiseda</i>	AF335453.1	94%	2.00E-141	96%	21
718	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Cortinarius carranzae</i>	EF420149.1	100%	7.00E-46	78%	9
721	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis vismiae</i>	FJ481027.1	100%	9.00E-164	98%	15
724	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Polyscytalum algarvense</i>	GQ303287.1	99%	3.00E-119	90%	21
725	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Gliocephalotrichum cylindrosporum</i>	FJ481051.1	100%	5.00E-137	94%	22
728	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps bicephala</i>	AJ309365.1	48%	7.00E-36	85%	5
732	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Clonostachys divergens</i>	GU934587.1	100%	2.00E-161	98%	28
736	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	EF585660.1	54%	5.00E-52	96%	9
739	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Fusicladium eriobotryae</i>	EU282476.1	60%	5.00E-72	100%	6
741	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	EF585660.1	53%	2.00E-51	97%	10
742	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Cyclothyrium</i> sp.	FJ025227.1	98%	4.00E-103	87%	15
744	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreomycetidae	<i>Stilbella aciculosa</i>	HM216212.1	100%	1.00E-138	94%	16
748	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	EF585639.1	43%	2.00E-26	100%	18

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
750	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Leucopaxillus tricolor</i>	EU819413.1	100%	2.00E-71	82%	12
753	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita oleosa</i>	GQ925398.1	100%	3.00E-59	80%	15
754	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Marasmius favrei</i>	FN293017.1	51%	6.00E-37	100%	19
755	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	6.00E-146	95%	16
756	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Physciaceae	<i>Diplotomma venustum</i>	AF540511.1	47%	3.00E-59	94%	15
757	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella brassicicola</i>	AF297223.1	100%	1.00E-103	88%	5
767	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	NC	<i>Paecilomyces inflatus</i>	GU566291.1	100%	2.00E-76	83%	16
770	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Sacostroma bisetulum</i>	EU552155.1	100%	2.00E-131	92%	11
774	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	7.00E-31	100%	39
776	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Dactylella oviparasitica</i>	AY970525.1	100%	3.00E-49	78%	5
778	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	44%	3.00E-25	97%	14
791	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Montagnulaceae	<i>Paraconiothyrium sporulosum</i>	GU566257.1	16%	4.00E-18	100%	6
792	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor fuscus</i>	FN650654.1	50%	7.00E-31	100%	14
794	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Petilgerales	Lobariaceae	<i>Lobaria macaronesia</i>	GU072749.1	99%	1.00E-67	82%	11
796	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Botryosphaeria theobromae</i>	FJ904841.1	100%	2.00E-75	83%	6
798	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	5.00E-137	93%	30
800	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Crucellisporium umtamvunae</i>	GU291797.1	100%	1.00E-52	79%	4
801	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita grandis</i>	GQ925396.1	100%	3.00E-69	82%	17
802	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria ochroleuca</i>	EU273558.1	100%	3.00E-134	93%	17
808	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Neofabraea alba</i>	EU098124.1	100%	1.00E-133	93%	16
813	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Cortinarius</i> sp.	DQ102656.1	50%	7.00E-31	94%	8
815	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina calcea</i>	AJ427408.1	97%	5.00E-67	82%	13
816	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Mariannaea aquaticola</i>	GQ153836.1	100%	2.00E-166	99%	16
817	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cercophora sulphurella</i>	AY587913.1	100%	1.00E-132	93%	6
821	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	3.00E-119	90%	14

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
822	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Phialocephala fusca</i>	AF486122.1	100%	8.00E-100	87%	18
824	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	6.00E-126	91%	14
827	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Ceratobasidiaceae	<i>Ceratobasidium cornigerum</i>	EU273525.1	100%	1.00E-133	93%	32
828	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Mycena chlorophos</i>	AB512312.1	92%	6.00E-81	85%	23
833	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	100%	8.00E-100	87%	24
835	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	57%	3.00E-29	97%	13
838	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	9.00E-30	100%	56
843	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Calonectria colombiana</i>	GQ280661.1	100%	8.00E-145	95%	11
850	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	FM865616.1	98%	8.00E-90	86%	20
855	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Resupinatus conspersus</i>	AY571061.1	64%	5.00E-67	95%	17
856	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus cf. clarum</i>	FM865538.1	93%	6.00E-91	86%	7
861	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	74%	9.00E-65	85%	9
862	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Chaetomium funicola</i>	EU326205.1	100%	2.00E-95	86%	21
867	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	NC	<i>Rhizophydiales</i> sp.	EF634250.1	100%	7.00E-51	79%	12
868	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron</i> sp.	HM208724.1	53%	9.00E-60	100%	9
869	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Dactylellina lobatum</i>	AF106524.1	100%	2.00E-96	86%	8
873	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Trichocladium asperum</i>	AM292050.1	100%	8.00E-95	86%	33
876	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	NC	<i>Sporodocladia foliicola</i>	AF486129.1	100%	1.00E-158	97%	15
877	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	100%	8.00E-130	92%	5
883	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Capnobotryella renispora</i>	AY220612.1	98%	1.00E-112	90%	7
885	Glo.	NC	NC	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora leptoticha</i>	FJ769322.1	81%	9.00E-50	81%	2
887	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phaeomoniella capensis</i>	FJ372391.1	100%	5.00E-52	79%	8
888	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida petrohuensis</i>	AY585213.1	50%	2.00E-45	87%	3
892	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina calcea</i>	AJ427408.1	100%	5.00E-62	81%	10
893	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	5.00E-92	86%	15

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
896	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	3.00E-20	97%	10
897	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	2.00E-126	92%	9
898	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis theae</i>	EF423551.1	100%	2.00E-170	100%	5
901	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174689.1	93%	5.00E-107	90%	21
906	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor indicus</i>	DQ118994.1	47%	1.00E-32	100%	8
909	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita grandis</i>	GQ925396.1	100%	2.00E-66	81%	9
912	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis theae</i>	EF423551.1	100%	8.00E-120	91%	13
914	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Rhodosporidium toruloides</i>	AB073265.1	45%	9.00E-35	100%	6
920	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetophariaceae	<i>Codinaeopsis</i> sp.	EF488392.1	98%	7.00E-155	97%	6
923	Asc.	Pezizomycotina	Geoglossomycetes	Geoglossales	Geoglossaceae	<i>Geoglossum fallax</i>	EU784256.1	100%	2.00E-120	91%	10
926	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	NC	<i>Rhizopodiales</i> sp.	EF634249.1	34%	3.00E-25	86%	7
927	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Blastobotrys nivea</i>	FM178346.1	49%	2.00E-50	89%	14
928	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	3.00E-94	86%	4
931	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma philippii</i>	AJ608713.1	100%	1.00E-143	95%	14
932	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Filobasidiales	NC	<i>Cryptococcus albus</i>	EF193064.1	97%	3.00E-158	98%	5
933	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Rhytismatales	Rhytismataceae	<i>Coccomyces mucronatus</i>	GU367905.1	99%	2.00E-80	83%	24
937	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Peltigerales	Lobariaceae	<i>Pseudocyphellaria freycinetii</i>	EU558724.1	92%	4.00E-43	78%	13
941	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus haglerorum</i>	AY787857.1	18%	2.00E-17	95%	38
942	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587914.1	100%	8.00E-80	83%	9
943	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	DQ983816.1	100%	1.00E-127	92%	10
945	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Ostropales	Stictidaceae	<i>Cryptodiscus pini</i>	HM244762.1	93%	2.00E-91	87%	17
950	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Sporomiaceae	<i>Westerdykella purpurea</i>	FJ624258.1	100%	3.00E-149	96%	15
952	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium lateritium</i>	AY266406.1	100%	2.00E-170	100%	12
960	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Incrucipulum radiatum</i>	AB481262.1	100%	1.00E-77	83%	10

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
963	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Elaphomycetaceae	<i>Monascus purpureus</i>	U18356.1	100%	2.00E-120	90%	8
965	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cercophora sparsa</i>	AY587912.1	100%	3.00E-99	87%	9
966	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	4.00E-152	96%	3
971	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella</i> sp.	FJ810151.1	100%	2.00E-166	99%	15
974	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Whalleya microplaca</i>	FJ416301.1	95%	1.00E-78	84%	5
975	Lbf.	NC	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella elongata</i>	AB542112.1	100%	5.00E-137	93%	18
977	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Microglossum viride</i>	AY144534.1	99%	2.00E-111	89%	10
979	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Trichosphaeriales	NC	<i>Nigrospora sphaerica</i>	GQ919077.1	100%	2.00E-165	99%	32
980	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	HM449696.1	35%	5.00E-37	91%	26
986	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	100%	4.00E-83	84%	9
995	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	1.00E-32	100%	8
1004	Bas.	Agaricomycotina	Dacrymycetes	Dacrymycetales	Dacrymycetaceae	<i>Dacrymyces stillatus</i>	DQ516524.1	89%	1.00E-87	87%	20
1005	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Canopdiales	Mycosphaerellaceae	<i>Pseudocercospora norchiensis</i>	EF394859.1	100%	2.00E-170	100%	5
1008	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Geastrales	Geastraceae	<i>Geastrum floriforme</i>	EU784231.1	100%	8.00E-110	89%	18
1012	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	5.00E-102	87%	9
1013	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Parapleurotheciopsis inaquiseptata</i>	EU040235.1	100%	2.00E-105	88%	5
1014	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	48%	1.00E-32	84%	4
1015	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phialea strobilina</i>	EF596821.1	100%	1.00E-142	95%	9
1016	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	61%	1.00E-33	100%	3
1018	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	2.00E-71	82%	22
1019	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626002.1	100%	2.00E-56	80%	13
1020	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium sclerotiorum</i>	EU076926.1	100%	7.00E-160	98%	7
1022	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Aspergillus versicolor</i>	GU934602.1	100%	3.00E-104	88%	19
1025	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera</i> sp.	HQ631046.1	42%	3.00E-30	100	9
1026	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycocleptodiscus</i> sp.	FJ478407.1	95%	1.00E-67	82%	6

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST
(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1028	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	HQ649910.1	53%	2.00E-50	87%	5
1034	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	47%	1.00E-47	89%	6
1035	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Neofabraea alba</i>	EU098124.1	98%	1.00E-153	97%	9
1137	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphariaceae	<i>Chaetosphaeria raciborskii</i>	EU037895.1	95%	1.00E-88	86%	5
1038	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium daleae</i>	DQ132832.1	100%	4.00E-123	91%	4
1042	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865607.1	100%	3.00E-114	89%	17
1049	Glo.	NC	Glomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus brasilianum</i>	AF165922.1	44%	5.00E-42	89%	11
1051	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Verticillium tenerum</i>	GQ131880.1	50%	3.00E-44	87%	8
1063	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911448.1	49%	1.00E-43	87%	21
1077	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Sarcodon atroviridis</i>	EU326186.1	100%	4.00E-167	99%	6
1083	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium brachypenium</i>	AB540570.1	100%	2.00E-120	91%	7
1085	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	1.00E-143	95%	13
1089	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps ophioglossoides</i>	EU586043.1	100%	1.00E-148	95%	9
1090	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Diatrypaeaceae	<i>Phaeoisaria clematidis</i>	EU552148.1	75%	2.00E-66	95%	17
1096	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella subilacina</i>	U83481.1	100%	6.00E-111	89%	9
1097	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	6.00E-126	92%	13
1106	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus coronatum</i>	FM876798.1	49%	1.00E-28	100%	18
1107	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	HM449696.1	36%	3.00E-29	87%	9
1111	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	FJ455873.1	37%	2.00E-36	89%	12
1112	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora scrobiculata</i>	FM876791.1	64%	9.00E-45	100%	5
1114	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	1.00E-122	91%	7
1115	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Gloeophyllales	Gloeophyllaceae	<i>Gloeophyllum sepiarium</i>	HM536091.1	42%	9.00E-40	100%	7
1119	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acrostalagmus luteoalbus</i>	GU813970.1	48%	1.00E-53	91%	5
1125	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Stachybotrys longispora</i>	AF081482.1	100%	7.00E-160	97%	3
1126	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium salmoneum</i>	HM747162.1	42%	6.00E-32	86%	9

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1131	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	2.00E-155	97%	9
1134	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium</i> sp.	AJ301998.1	100%	3.00E-129	92%	4
1148	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus mosseae</i>	AY236331.1	49%	4.00E-28	100%	6
1150	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Minimidochium</i> sp.	HQ630974.1	100%	6.00E-101	88%	6
1152	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	NC	<i>Sarcinomyces</i> sp.	AJ972809.2	100%	8.00E-65	81%	15
1154	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	1.00E-83	84%	13
1157	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Petigerales	Lobariaceae	<i>Lobaria macaronesia</i>	GU072749.1	100%	1.00E-72	82%	8
1158	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FN811925.1	100%	8.00E-90	85%	6
1161	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnaporthaceae	<i>Gaeumannomyces graminis</i>	AF508789.1	100%	5.00E-92	86%	7
1168	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i>	FJ904913.1	99%	6.00E-81	84%	6
1171	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	55%	4.00E-48	86%	7
1176	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	HQ649910.1	53%	2.00E-46	86%	9
1182	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	100%	5.00E-117	90%	28
1186	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Muscodor yucantensis</i>	FJ917287.1	100%	1.00E-138	94%	3
1190	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626002.1	67%	5.00E-62	98%	8
1203	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Hyaloriaceae	<i>Pseudohydnum gelatinosum</i>	DQ520094.1	100%	5.00E-97	86%	10
1207	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus heveanensis</i>	GU585754.1	38%	9.00E-30	87%	21
1211	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	44%	2.00E-27	100%	23
1217	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Myxotrichum</i> sp.	HQ324781.1	61%	4.00E-63	100%	11
1218	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	8.00E-80	83%	8
1219	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cercophora sulphurella</i>	AY587913.1	100%	1.00E-98	86%	3
1228	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Rhizoscyphus ericae</i>	EF658750.1	98%	6.00E-111	89%	3
1229	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	FJ873593.1	46%	5.00E-42	87%	14
1230	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiendron maius</i>	EU888920.1	100%	4.00E-123	91%	11
1233	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	6.00E-106	88%	11

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1246	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	51%	1.00E-28	97%	11
1249	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Placopyrenium bucekii</i>	EU010245.1	100%	6.00E-81	84%	6
1264	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Bartalinia pondoensis</i>	GU291796.1	100%	2.00E-166	99%	4
1265	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella tabulata</i>	AY999132.1	100%	6.00E-86	84%	5
1267	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016381.1	100%	3.00E-89	85%	4
1269	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	HQ406811.1	100%	3.00E-144	95%	12
1270	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	95%	3.00E-104	89%	9
1271	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicorona taxophila</i>	GQ981502.1	100%	5.00E-97	87%	5
1273	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	59%	3.00E-29	100%	9
1274	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Placopyrenium bucekii</i>	EU010246.1	100%	3.00E-89	85%	12
1278	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Cordyceps crassispota</i>	AB067714.1	99%	1.00E-77	84%	7
1279	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Trichomonascaceae	<i>Sugiyamaella</i> sp.	DQ911456.1	49%	4.00E-48	89%	6
1282	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Podospora didyma</i>	AY999127.1	100%	4.00E-108	88%	12
1288	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus laurentii</i>	FN428921.1	100%	8.00E-100	87%	12
1290	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium strictum</i>	EU497953.1	100%	2.00E-111	89%	4
1292	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomyces	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Hydrocina chaetocladia</i>	AY789413.1	76%	4.00E-68	100%	4
1295	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus nemorosus</i>	FN428883.1	99%	1.00E-107	89%	5
1298	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium oxysporum</i>	GU724514.1	100%	2.00E-170	100%	9
1303	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	4
1308	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Cordyceps sinensis</i>	AJ488260.1	100%	2.00E-131	92%	5
1309	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Phaeococcomyces chersonesos</i>	AJ507323.4	97%	5.00E-82	84%	4
1311	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Pochonia bulbillosa</i>	AB378552.1	100%	9.00E-169	99%	4
1313	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	NC	<i>Paecilomyces inflatus</i>	GU566291.1	100%	2.00E-86	85%	3
1323	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Canopdiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella parkiiaffinis</i>	EF394846.1	100%	3.00E-99	87%	6
1324	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AM980842.1	99%	6.00E-86	84%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1327	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria muralis</i>	EU249487.1	41%	4.00E-43	91%	3
1329	Glo.	NC	Glomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus laccatum</i>	AM295494.1	47%	2.00E-35	85%	5
1330	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichomonascaceae	<i>Eurotium</i> sp.	HM991283.1	96%	2.00E-65	81%	17
1333	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Chaetomium globosum</i>	HM991278.1	100%	1.00E-132	93%	8
1334	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Resupinatus conspersus</i>	AY571061.1	61%	8.00E-60	95%	5
1335	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida caryicola</i>	GU246254.1	87%	7.00E-31	76%	7
1341	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	1.00E-112	89%	16
1344	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Trichophaeae woolhopeia</i>	GU811253.1	53%	3.00E-54	89%	5
1353	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	EF585639.1	43%	7.00E-26	100%	3
1354	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	39%	3.00E-44	93%	7
1359	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	44%	3.00E-25	97%	12
1363	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria ochroleuca</i>	EU273558.1	100%	2.00E-165	99%	12
1364	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Trichophaeae woolhopeia</i>	GU174764.1	57%	2.00E-40	84%	2
1365	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Sporobolomycetes</i> sp.	FJ210642.1	59%	5.00E-57	100%	2
1367	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Beauveria bassiana</i>	HM189220.1	100%	2.00E-170	100%	3
1369	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechiosporales	Trechiosporaceae	<i>Trechispora farinacea</i>	EU909231.1	64%	3.00E-54	100%	6
1370	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	100%	2.00E-106	88%	4
1371	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phialea strobilina</i>	EF596821.1	100%	8.00E-130	92%	7
1372	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita virosa</i>	FJ176737.1	50%	3.00E-54	97%	3
1373	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	8.00E-145	95%	4
1378	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Fusicladium eucalypti</i>	HQ599600.1	58%	5.00E-62	100%	5
1383	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus</i> sp.	FM178286.1	50%	9.00E-28	79%	19
1396	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	51%	2.00E-51	100%	5
1399	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	4
1405	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	3.00E-30	100%	16

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1412	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Emericella undulata</i>	AB248982.1	100%	1.00E-118	90%	4
1420	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	GU566201.1	46%	4.00E-33	84%	3
1427	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Pseudallescheria boydii</i>	AB369906.1	100%	9.00E-164	98%	14
1433	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160946.1	46%	3.00E-20	100%	7
1436	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Cordyceps cardinalis</i>	AB237660.1	100%	4.00E-152	96%	8
1438	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylariaceae</i> sp.	EU009987.1	100%	4.00E-143	95%	8
1443	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Fungal endophyte</i> NC	EU686172.1	100%	1.00E-137	94%	5
1448	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Exidiaceae	<i>Eichleriella leveilleana</i>	AY509553.1	43%	5.00E-42	100%	9
1449	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Stereocaulaceae	<i>Lepraria humida</i>	EF619553.1	54%	5.00E-52	100%	5
1450	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Terfezia clavnyi</i>	HM352545.1	53%	2.00E-31	100%	13
1457	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Exidiaceae	<i>Heterochaete shearii</i>	AF291284.1	100%	2.00E-65	81%	17
1464	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria zollingeri</i>	AY854071.1	100%	9.00E-55	79%	10
1465	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Cladoniaceae	<i>Cladonia mitis</i>	AY170769.1	44%	5.00E-57	95%	4
1469	Asc.	Pezizomycotina	Geoglossomycetes	Geoglossales	Geoglossaceae	<i>Geoglossum fallax</i>	EU784256.1	100%	1.00E-73	82%	29
1479	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Tetracladium apiense</i>	EU883421.1	100%	3.00E-158	97%	9
1483	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	48%	4.00E-43	87%	2
1484	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Lauriomyces heliocephalus</i>	FJ839624.1	100%	2.00E-145	95%	9
1500	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547531.1	66%	5.00E-27	96%	15
1502	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	DQ480344.1	98%	1.00E-118	91%	3
1504	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	59%	7.00E-31	100%	2
1505	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Aspergillus versicolor</i>	EU497952.1	55%	1.00E-42	85%	3
1506	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	5.00E-82	84%	2
1510	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita vaginata</i>	AB458889.1	100%	3.00E-109	89%	10
1511	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	1.00E-112	89%	6
1514	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	NC	NC	<i>Pezizomycetes</i> sp.	GQ153175.1	56%	1.00E-47	86%	6

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1518	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	53%	3.00E-29	100%	2
1520	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	FJ487930.1	100%	3.00E-69	82%	10
1524	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	7.00E-155	97%	2
1526	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	57%	9.00E-65	100%	3
1529	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	47%	4.00E-28	82%	12
1542	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria radicola</i>	FJ205457.1	99%	2.00E-100	87%	22
1548	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	3.00E-129	93%	3
1553	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps ophioglossoides</i>	EU834213.1	100%	5.00E-142	94%	4
1555	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	42%	4.00E-33	100%	13
1566	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Macrophomina phaseolina</i>	GU046877.1	46%	3.00E-49	100%	3
1572	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Eurotium amsteddamsi</i>	EF151446.1	97%	1.00E-97	88%	7
1573	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Montagnulaceae	<i>Paraconiothyrium sporulosum</i>	GU062253.1	15%	2.00E-16	100%	3
1577	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Spizellomycetales	Spizellomycetaceae	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	FJ827733.1	38%	9.00E-25	100%	4
1581	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Sordariaceae	<i>Sordaria fimicola</i>	EU918704.1	100%	6.00E-146	95%	6
1585	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycocleptodiscus indicus</i>	GU980698.1	100%	9.00E-50	78%	6
1586	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Arthrobotrys arcuata</i>	AF106527.1	100%	3.00E-49	79%	10
1587	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	100%	3.00E-99	87%	4
1588	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phialea strobilina</i>	EF596821.1	100%	8.00E-145	95%	16
1591	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Septobasidiales	Septobasidiaceae	<i>Septobasidium</i> sp.	HQ267950.1	94%	8.00E-115	91%	2
1592	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium solani</i>	EU273504.1	100%	5.00E-57	80%	6
1596	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160946.1	46%	3.00E-20	100%	5
1598	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Dermea acerina</i>	AF141164.1	100%	3.00E-143	95%	8
1601	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	1.00E-32	100%	7
1618	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	3.00E-104	88%	9
1619	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria veuillotiana</i>	HM054151.1	95%	8.00E-115	90%	6

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1620	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus indicum</i>	GU059549.1	100%	1.00E-102	88%	7
1624	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreomycetidae	Microascaceae	<i>Pseudallescheria africana</i>	AY228115.1	100%	1.00E-147	96%	9
1627	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	6.00E-81	84%	7
1631	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	16
1635	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Corticiales	Corticaceae	<i>Haplotrichum curtisii</i>	EU118629.1	100%	2.00E-90	85%	10
1636	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	6.00E-76	83%	3
1637	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911452.1	55%	7.00E-46	85%	10
1639	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	4.00E-103	88%	6
1641	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	100%	3.00E-94	86%	7
1654	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Geomyces pannorum</i>	AJ938166.1	95%	6.00E-141	95%	2
1660	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron truncatum</i>	GU062231.1	100%	2.00E-110	89%	8
1672	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe cantharellus</i>	EU784286.1	100%	2.00E-101	87%	2
1674	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Sarcodon atroviridis</i>	EU293831.1	95%	2.00E-71	83%	8
1678	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	DQ983814.1	100%	5.00E-132	93%	7
1679	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus indicum</i>	GU059546.1	98%	1.00E-88	85%	10
1681	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	HM116750.1	95%	8.00E-145	96%	5
1689	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	49%	5.00E-47	88%	3
1690	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium radicum</i>	AY256855.1	100%	6.00E-111	89%	7
1692	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Entolomataceae	<i>Entoloma</i> sp.	GU188435.1	100%	3.00E-39	77%	7
1694	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	5.00E-137	93%	2
1705	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	100%	1.00E-137	94%	5
1718	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniastreaceae	<i>Pucciniastrum hydrangaea-petiole</i>	AB221438.1	50%	9.00E-30	100%	2
1722	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	60%	2.00E-35	98%	15
1724	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron griseum</i>	AY624310.1	100%	4.00E-113	89%	11
1726	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Rhytismatales	Rhytismataceae	<i>Coccomyces mucronatus</i>	GU367905.1	100%	2.00E-76	83%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1730	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Verticillium fungicola</i>	AB112030.1	100%	8.00E-130	92%	2
1731	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Harpophora zeicola</i>	AB190409.1	69%	1.00E-57	97%	5
1736	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	1.00E-113	89%	5
1738	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Coniochaetales	Coniochaetaceae	<i>Lecythophora hoffmannii</i>	AB231012.1	100%	5.00E-62	81%	2
1745	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	NC	<i>Chrysosporium carmichaelii</i>	AJ007842.1	100%	3.00E-54	79%	6
1750	Glo.	NC	Glomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus occultum</i>	AF005065.1	43%	3.00E-44	90%	3
1751	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium fellutanum</i>	AY373914.1	44%	3.00E-35	86%	2
1763	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Pleosporaceae</i> sp.	HM992501.1	89%	2.00E-150	100%	5
1764	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	HM449696.1	36%	7.00E-36	90%	3
1765	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria cinnabarina</i>	GU062225.1	96%	1.00E-83	85%	3
1768	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	AB027385.1	100%	3.00E-94	87%	3
1770	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	3.00E-20	97%	5
1773	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	99%	2.00E-100	87%	17
1774	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium concentricum</i>	EU551180.1	100%	4.00E-162	98%	14
1776	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Trametes trogii</i>	HM989941.1	100%	4.00E-113	89%	3
1780	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Montagnulaceae	<i>Paraphaeosphaeria</i> sp.	HQ637290.1	49%	1.00E-42	87%	2
1782	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Ramariopsis kunzei</i>	GU187552.1	100%	4.00E-48	79%	9
1785	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron griseum</i>	AY624310.1	100%	6.00E-116	90%	4
1791	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ613095.1	100%	2.00E-125	91%	3
1797	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Eupenicillium</i> sp.	FJ571452.1	38%	7.00E-36	89%	14
1809	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Aspergillus versicolor</i>	GU934602.1	100%	3.00E-109	89%	2
1828	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Lauriomyces heliocephalus</i>	FJ839624.1	100%	2.00E-136	93%	8
1833	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	1.00E-133	93%	3
1844	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita hemibapha</i>	AB458888.1	72%	5.00E-72	100%	8

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1849	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina calcea</i>	AJ427408.1	100%	7.00E-66	82%	2
1852	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	DQ825967.1	50%	5.00E-47	87%	4
1857	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chaetosphaeria</i> sp.	HQ630994.1	100%	5.00E-147	95%	3
1861	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	99%	4.00E-98	87%	23
1865	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Arthopyreniaceae	<i>Arthopyreniaceae</i> sp.	FJ439584.2	96%	8.00E-115	100%	3
1866	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Microdochium</i> sp.	AM502265.1	99%	1.00E-122	91%	4
1874	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Pleosporaceae</i> sp.	HM992501.1	77%	1.00E-107	94%	3
1878	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Cryptosporiopsis melanigena</i>	AF141196.1	100%	2.00E-155	97%	3
1882	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-150	96%	5
1886	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Gigasporaceae	<i>Gigaspora margarita</i>	U15692.1	55%	1.00E-68	93%	17
1892	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Uncultured Leotiomycetes</i>	HQ021988.1	45%	1.00E-53	100%	6
1898	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	2.00E-91	85%	9
1902	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Physciaceae	<i>Anaptychia ciliaris</i>	GU247148.1	48%	2.00E-61	94%	3
1906	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus laurentii</i>	GU943490.1	60%	5.00E-77	93%	4
1908	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala dermatitidis</i>	DQ826738.1	100%	3.00E-89	85%	6
1912	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	1.00E-77	83%	2
1917	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Fimetariella rabenhorstii</i>	HQ406810.1	100%	2.00E-151	96%	9
1918	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus caledonium</i>	FN547499.1	44%	7.00E-41	88%	5
1923	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus podzolicus</i>	FN428924.1	94%	2.00E-155	99%	4
1924	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Diatrypaceae	<i>Eutypella parasitica</i>	FJ481037.1	99%	8.00E-90	85%	7
1925	Asc.	Pezizomycotina	NC	NC	NC	<i>Leptodiscella africana</i>	FR751089.1	34%	9.00E-25	86%	5
1932	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	51%	1.00E-28	97%	7
1934	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Coniochaetales	NC	<i>Lecythophora aff. decumbens</i>	FN428890.1	100%	8.00E-75	83%	9
1940	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium anisopliae</i>	FJ481014.1	100%	3.00E-153	96%	5
1942	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Dokmaia montheadangii</i>	DQ780454.1	100%	1.00E-133	93%	19

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
1955	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrorquata lineata</i>	AF009807.1	100%	1.00E-87	85%	2
1960	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Sclerotiniaceae	<i>Monilinia fruticola</i>	FJ515894.1	98%	2.00E-66	81%	3
1962	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	47%	7.00E-46	89%	3
1963	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Muscodor yucantensis</i>	FJ917287.1	100%	2.00E-155	97%	3
1983	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	FJ873575.1	50%	1.00E-47	88%	3
1992	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Dactylella oviparasitica</i>	AY970525.1	100%	2.00E-41	77%	14
1998	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ613095.1	100%	2.00E-136	93%	7
2003	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Dictyochaeta simplex</i>	EF029233.1	90%	8.00E-145	98%	7
2005	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Arthopyreniaceae	<i>Arthopyreniaceae</i> sp.	FJ439584.2	100%	8.00E-145	95%	4
2006	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Rattania setulifera</i>	GU191794.1	97%	7.00E-101	88%	6
2007	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174693.1	98%	2.00E-106	88%	3
2013	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	AB027385.1	100%	3.00E-79	83%	4
2016	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547546.1	50%	3.00E-29	98%	8
2027	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Pseudoamillariella ectypoides</i>	DQ192175.1	40%	1.00E-28	96%	13
2028	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	5.00E-117	90%	8
2029	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium pimateouense</i>	FJ624254.1	100%	6.00E-156	97%	11
2034	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Dexomyces wuzhishanensis</i>	EU517063.1	47%	1.00E-42	98%	3
2035	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	Arthrodermataceae	<i>Microsporum distortum</i>	EF631608.1	54%	9.00E-40	93%	15
2037	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus proliferum</i>	FN547500.1	98%	7.00E-106	88%	5
2039	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Graphium pseudomiticum</i>	FJ434981.1	49%	1.00E-37	85%	5
2040	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Pseudaleuria quinaultiana</i>	EU669387.1	100%	2.00E-115	89%	6
2046	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium lateritium</i>	AF310982.1	100%	7.00E-96	86%	5
2047	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	1.00E-93	86%	4

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A – Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2050	Bas.	Agaricomycotina	Dacrymycetes	Dacrymycetales	Dacrymycetaceae	<i>Calocera comea</i>	AY789083.1	96%	4.00E-58	81%	2
2058	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	2
2070	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus claroideum</i>	GQ388708.1	55%	4.00E-48	94%	6
2071	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Schizothecium aloides</i>	AY999120.1	100%	1.00E-88	85%	5
2073	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Dasyscyphella longistipitata</i>	AB481239.1	100%	2.00E-75	83%	11
2074	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaerales	Botryosphaeriaceae	<i>Endomelanconiopsis endophytica</i>	FJ799942.1	100%	5.00E-167	99%	2
2078	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium concentricum</i>	EU551180.1	100%	6.00E-156	97%	3
2082	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	1.00E-158	97%	3
2088	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Terfezia claveryi</i>	HM352545.1	37%	3.00E-20	100%	2
2092	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Calluna vulgaris root associated fungus</i>	FM172779.1	87%	1.00E-122	95%	13
2101	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	NC	NC	<i>Pezizomycetes</i> sp.	GQ153018.1	54%	5.00E-47	86%	10
2102	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	99%	1.00E-117	90%	6
2107	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Phyalacriaceae	<i>Rhizomarasmus pyrocephalus</i>	DQ097369.1	46%	9.00E-30	100%	6
2108	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	59%	2.00E-31	100%	9
2109	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547546.1	46%	1.00E-18	100%	7
2110	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Cyclothyrium</i> sp.	FJ025227.1	98%	3.00E-99	87%	3
2114	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	5.00E-22	97%	5
2118	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	5.00E-32	100%	3
2123	NC	NC	NC	NC	NC	Uncultured fungus	GQ159996.1	93%	6.00E-116	91%	10
2124	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Otidea onotica</i>	EU784390.1	46%	2.00E-40	98%	3
2131	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Nemania abortiva</i>	FJ172270.1	100%	3.00E-159	97%	4
2132	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cercophora sparsa</i>	AY587912.1	100%	1.00E-102	87%	7
2146	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Venturia populina</i>	EU035467.1	15%	2.00E-16	100%	3
2147	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus meristoporus</i>	EF392533.1	44%	2.00E-26	100	11
2149	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps oxycephala</i>	EU573348.1	31%	9.00E-25	88%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2151	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	47%	3.00E-44	88%	16
2169	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Incrupulium radiatum</i>	AB481262.1	100%	2.00E-85	84%	2
2171	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016384.1	100%	2.00E-90	85%	5
2177	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	59%	5.00E-32	100%	9
2180	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Fimetariella rabenhorstii</i>	HQ406808.1	100%	7.00E-81	84%	5
2182	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora leptoticha</i>	AJ012201.1	65%	2.00E-31	98%	6
2185	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium cyanophagus</i>	DQ393594.1	100%	3.00E-134	93%	6
2187	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Cyclothyrium</i> sp.	FJ025227.1	98%	8.00E-135	93%	9
2194	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Epicoccum nigrum</i>	FJ904918.1	100%	2.00E-170	100%	4
2195	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AM980834.1	100%	3.00E-114	89%	7
2202	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Strophariaceae	<i>Pholiota terrestris</i>	HQ604756.1	20%	2.00E-16	91%	4
2204	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Wilcoxina rehmi</i>	AF266708.1	50%	2.00E-51	89%	12
2216	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Pezizaceae</i> sp.	EU819507.1	53%	1.00E-47	87%	13
2227	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	FJ873588.1	54%	1.00E-48	87%	7
2231	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycocleptodiscus indicus</i>	GU980698.1	47%	3.00E-34	97%	6
2233	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	FJ873575.1	57%	2.00E-51	86%	18
2238	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Geniculissynema termiticola</i>	AB274813.1	98%	7.00E-91	86%	7
2239	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	EF585639.1	46%	2.00E-32	100%	15
2240	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Phialocephala turicensis</i>	AY078129.1	100%	8.00E-105	87%	4
2241	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Anthoslomella leucospermi</i>	EU552100.1	100%	4.00E-93	85%	8
2243	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria setosa</i>	AF210670.1	85%	2.00E-141	99%	7
2245	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Coniosporium</i> sp.	AJ971446.1	100%	3.00E-69	82%	11
2247	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	5.00E-32	100%	6
2250	Neo.	NC	Neocallimastigomycetes	Neocallimastigales	Neocallimastigaceae	<i>Orpinomyces</i> sp.	HQ386987.1	33%	2.00E-16	82%	2
2251	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Exidiaceae	<i>Exidiaceae</i> sp.	AY509549.1	97%	7.00E-61	81%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

160

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2254	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Sacostroma bisetulum</i>	EU552155.1	100%	1.00E-122	91%	9
2261	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	47%	1.00E-42	88%	6
2268	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	4.00E-78	84%	4
2269	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Gymnopilus aeruginosus</i>	AY280977.1	100%	4.00E-78	84%	3
2274	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Dothideales	Dothioraceae	<i>Aureobasidium pullulans</i>	DQ680843.1	100%	2.00E-111	89%	4
2275	Glo.	NC	NC	Archaeosporales	Archaeosporaceae	<i>Archaeospora trappei</i>	AJ243420.1	62%	3.00E-25	100%	2
2278	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus surugensis</i>	AB100440.1	100%	1.00E-103	87%	5
2283	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	2.00E-100	87%	14
2286	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	48%	1.00E-32	100%	4
2287	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria</i> sp.	FJ664856.1	100%	4.00E-78	83%	7
2292	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	3.00E-20	97%	7
2294	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	GU934588.1	100%	5.00E-157	97%	5
2296	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leotiomycete</i> sp.	EU680538.1	100%	1.00E-118	94%	5
2316	Neo.	NC	Neocallimastigomycetes	Neocallimastigales	Neocallimastigaceae	<i>Orpinomyces</i> sp.	HQ386987.1	33%	2.00E-16	82%	11
2317	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Pilidium concavum</i>	AY487097.1	95%	1.00E-128	93%	15
2322	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Pyrenochaeta cava</i>	GU062248.1	100%	6.00E-131	92%	2
2325	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Stachybotrys cylindrospora</i>	AF081474.2	100%	2.00E-135	93%	3
2328	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	62%	3.00E-30	100%	9
2331	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cylindrocarpon pauciseptatum</i>	HM036590.1	94%	8.00E-160	100%	6
2334	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria</i> sp.	FJ664880.1	82%	4.00E-78	96%	3
2337	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	Onygenaceae	<i>Aphanoascus foetidus</i>	AJ439448.1	34%	3.00E-34	90%	3
2342	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	57%	3.00E-29	97%	9
2345	Bas.	Ustilaginomycotina	Exobasidiomycetes	Malasseziales	Malasseziaceae	<i>Malassezia sympodialis</i>	AY743638.1	88%	3.00E-149	100%	3
2350	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Microdochium</i> sp.	AM502260.1	100%	8.00E-130	92%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2352	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	1.00E-138	94%	2
2353	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Saccharomycetales</i> sp.	GU733454.1	32%	2.00E-16	83%	4
2354	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	FJ624263.1	99%	2.00E-146	95%	11
2355	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	HQ604858.1	100%	1.00E-58	80%	10
2357	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis theae</i>	EF423551.1	100%	4.00E-108	89%	3
2377	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Cephalothecaceae	<i>Cephalotheca sulfurea</i>	AB278194.1	100%	1.00E-92	86%	5
2380	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	1.00E-108	89%	3
2381	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria vellea</i>	HM161490.1	100%	4.00E-73	82%	6
2382	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	EF423545.1	100%	1.00E-142	95%	4
2383	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Aquaticola hongkongensis</i>	AF177156.1	100%	2.00E-70	82%	4
2391	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	NC	<i>Paecilomyces</i> sp.	HQ631041.1	100%	5.00E-132	92%	7
2401	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium psammosporum</i>	GU566287.1	100%	4.00E-133	93%	4
2402	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	57%	3.00E-29	97%	2
2403	Asc.	Pezizomycotina	Geoglossomycetes	Geoglossales	Geoglossaceae	<i>Geoglossum fallax</i>	AY789311.1	100%	2.00E-80	83%	7
2406	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Articulospora tetraccladia</i>	EU998928.1	100%	1.00E-138	94%	3
2418	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Placopyrenium bucekii</i>	EU010246.1	100%	3.00E-84	85%	2
2419	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Lycoperdaceae	<i>Lycoperdon pyriforme</i>	AY854075.1	100%	4.00E-73	82%	8
2427	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Inocybaceae	<i>Inocybe lacera</i>	GQ267473.1	100%	1.00E-28	75%	2
2429	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Lactarius cf. sepiaceus</i>	GU258309.1	41%	5.00E-37	100%	4
2433	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Arthopyreniaceae	<i>Arthopyreniaceae</i> sp.	FJ439584.2	100%	5.00E-117	90%	3
2438	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	44%	5.00E-22	97%	6
2444	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Dendroclathra lignicola</i>	EU873529.1	100%	5.00E-77	83%	9
2453	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Leotiaceae	<i>Leotia atrovirens</i>	EU819488.1	100%	5.00E-67	82%	3
2461	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps emeiensis</i>	AJ309347.1	100%	8.00E-100	87%	2
2462	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria cylindrica</i>	AF096209.1	100%	1.00E-77	83%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

162

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2465	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae	<i>Kodamaea ohmeri</i>	FJ810135.1	81%	4.00E-23	76%	4
2474	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Holwaya mucida</i>	DQ257357.1	100%	8.00E-115	89%	5
2483	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	1.00E-113	89%	3
2494	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Veronaepsis simplex</i>	EU075549.1	46%	1.00E-53	100%	2
2504	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Neofabraea alba</i>	EU098124.1	100%	2.00E-141	94%	2
2509	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria cinnabarina</i>	GU062225.1	100%	2.00E-121	91%	11
2521	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria radicola</i>	GU934581.1	96%	6.00E-131	93%	2
2525	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria ditmarsica</i>	FJ664845.1	97%	1.00E-78	84%	4
2533	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	5.00E-82	84%	5
2551	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria rugulosa</i>	AY587932.1	100%	5.00E-67	82%	3
2558	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cosmospora vilior</i>	GU067755.1	100%	2.00E-146	95%	7
2563	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174689.1	100%	1.00E-107	88%	5
2565	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	7.00E-61	80%	5
2566	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Rosellinia necatrix</i>	EF423543.1	100%	3.00E-109	89%	9
2568	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Filobasidiales	Filobasidiaceae	<i>Filobasidium floriforme</i>	AF190007.1	95%	4.00E-138	95%	6
2573	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium aestuarii</i>	DQ485676.1	58%	5.00E-52	96%	2
2575	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus mycorrhizal</i>	AJ716320.1	99%	2.00E-111	89%	3
2579	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetosphaeriales	NC	<i>Chaetothyriales</i> sp.	FJ538957.1	65%	2.00E-71	98%	2
2588	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Camarophyllus impurus</i>	GU233363.1	45%	2.00E-40	100%	3
2594	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Coniochaetales	Coniochaetaceae	<i>Lecythophora</i> sp.	GU062217.1	100%	1.00E-123	91%	2
2600	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	2.00E-60	80%	2
2608	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Fimetariella rabenhorstii</i>	HQ406808.1	100%	8.00E-120	90%	12
2611	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe xantochroa</i>	EU784357.1	37%	2.00E-27	86%	2
2614	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	2.00E-131	93%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2623	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala</i> sp.	EU035422.1	100%	2.00E-115	90%	7
2626	Asc.	Taphrinomycotina	Taphrinomycetes	Taphrinales	Taphrinaceae	<i>Taphrina carpini</i>	AY239215.1	51%	1.00E-48	88%	2
2634	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	FJ455873.1	35%	9.00E-35	90%	6
2635	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Lophiostomataceae	<i>Lophiostoma</i> sp.	HM116744.1	100%	1.00E-137	94%	6
2636	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Sporobolomyces jilinensis</i>	AY364838.1	47%	1.00E-58	93%	5
2646	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Tricholomataceae</i> sp.	EF060532.1	100%	2.00E-116	90%	3
2648	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	100%	7.00E-71	82%	5
2655	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Blastobotrys proliferans</i>	EF584542.1	21%	4.00E-18	92%	3
2662	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	60%	7.00E-31	98%	4
2666	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Subramaniomyces fusisaprophyticus</i>	EU040241.1	100%	2.00E-95	86%	4
2675	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Veronaeopsis simplex</i>	EU041820.1	92%	4.00E-83	86%	7
2677	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	EU089663.1	100%	6.00E-111	89%	7
2686	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora morrowiae</i>	AM905249.1	60%	6.00E-27	79%	5
2699	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Sordariomycete</i> sp.	EF694650.1	100%	6.00E-116	90%	2
2700	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	2.00E-105	88%	5
2703	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	6.00E-126	92%	6
2707	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnoporthaceae	<i>Mycropleptodiscus</i> sp.	FJ478407.1	62%	3.00E-64	94%	8
2721	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Tricholoma</i> sp.	AF349688.1	100%	9.00E-75	83%	5
2724	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	2.00E-136	93%	2
2725	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Tremella fuciformis</i>	FJ501580.1	45%	1.00E-37	100%	7
2730	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina farinacea</i>	GU593041.1	99%	9.00E-65	81%	13
2731	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	2.00E-65	82%	14
2737	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ascomycete</i> sp.	AY781244.1	100%	4.00E-128	92%	2
2744	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	1.00E-127	92%	2
2745	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Catapyrenium lachneum</i>	AF333127.1	46%	1.00E-47	90%	14

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2746	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Placopyrenium bucekii</i>	EU010246.1	99%	5.00E-92	86%	7
2750	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Davidiellaceae	<i>Cladosporium musae</i>	AF393718.2	96%	8.00E-110	90%	6
2759	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus drummondii</i>	AJ972465.1	62%	1.00E-47	100%	2
2762	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Sclerotiniaceae	<i>Monilinia fructigena</i>	EU098121.1	100%	3.00E-89	85%	5
2782	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Dioszegia takashimae</i>	DQ003332.1	100%	9.00E-80	84%	5
2783	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps bicephala</i>	AJ309365.1	48%	7.00E-36	85%	20
2784	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	HQ604858.1	100%	4.00E-63	81%	5
2796	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniastraceae	<i>Melampsorium hiratsukanum</i>	AY394709.1	35%	2.00E-22	84%	4
2801	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Spizellomycetales	Spizellomycetaceae	<i>Spizellomyces</i> sp.	FJ827716.1	38%	3.00E-24	100%	4
2804	NC	NC	NC	NC	NC	Uncultured fungus	AM260905.1	100%	1.00E-123	91%	2
2807	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella ellisii</i>	HQ406823.1	100%	2.00E-146	95%	5
2821	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Lasiodiplodia pseudothecobromae</i>	FJ904913.1	100%	8.00E-85	85%	2
2823	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	GU566201.1	46%	4.00E-33	84%	7
2834	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Coniosporium</i> sp.	AJ971452.1	99%	4.00E-73	83%	9
2844	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora boppii</i>	GU566223.1	100%	4.00E-118	90%	8
2853	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	4.00E-73	83%	7
2856	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	7.00E-91	86%	4
2857	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	58%	3.00E-30	100%	8
2869	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Stromatonectria caraganae</i>	HQ112288.1	100%	1.00E-128	92%	16
2873	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechiosporales	Trechiosporaceae	<i>Trechispora farinacea</i>	EU909231.1	100%	8.00E-100	87%	3
2887	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	8.00E-135	93%	3
2927	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Cordyceps cardinalis</i>	AB237660.1	100%	4.00E-148	96%	3
2935	Asc.	Pezizomycotina	NC	NC	NC	<i>Leptodiscella africana</i>	FR751089.1	33%	2.00E-27	88%	2
2938	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phoma medicaginis</i> var. <i>medicaginis</i>	AY504634.1	14%	6.00E-12	97%	7

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
2942	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Shiraiaceae	<i>Shiraia bambusicola</i>	GQ845415.1	62%	1.00E-78	93%	7
2949	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria</i> sp.	FJ664884.1	76%	1.00E-68	96%	5
2951	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Papiliotrema bandonii</i>	GU327539.1	100%	1.00E-83	85%	2
2958	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	HM627147.1	75%	2.00E-37	79%	2
2960	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosthaeriaceae	<i>Codinaeopsis</i> sp.	EF488392.1	97%	3.00E-104	88%	6
2979	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Hyaloriaceae	<i>Tremiscus helvelloides</i>	DQ520102.1	69%	2.00E-21	76%	3
2980	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626002.1	100%	4.00E-158	97%	2
2981	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polysporales	NC	<i>Daedaleopsis confragosa</i>	FJ810177.1	100%	1.00E-117	90%	3
2983	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	6.00E-106	88%	7
2990	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal endophyte	EU561632.1	100%	7.00E-165	99%	4
2991	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ascomycete</i> sp.	AM084503.1	48%	1.00E-58	93%	8
2995	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865607.1	100%	1.00E-118	90%	2
3016	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Pochonia suchlasporia</i>	AB214658.1	100%	7.00E-106	89%	3
3017	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	100%	2.00E-81	84%	4
3023	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cyphellophora</i> sp.	HQ631022.1	62%	9.00E-35	100%	4
3043	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	3.00E-144	95%	2
3068	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida castrensis</i>	DQ911441.1	54%	2.00E-50	87%	5
3071	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria asperulospora</i>	EU784186.1	100%	2.00E-55	80%	5
3077	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechiosporales	Trechiosporaceae	<i>Trechispora farinacea</i>	EU909231.1	100%	5.00E-77	83%	3
3098	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	51%	2.00E-22	97%	7
3099	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chaetosphaeria</i> sp.	HQ630994.1	100%	5.00E-147	95%	9
3101	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Incrucipulum radiatum</i>	AB481262.1	100%	2.00E-105	88%	5
3106	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	99%	3.00E-89	85%	6
3112	Asc.	Pezizomycotina	Geoglossomycetes	Geoglossales	Geoglossaceae	<i>Geoglossum fallax</i>	AY789311.1	100%	2.00E-70	83%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
3125	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	47%	7.00E-51	90%	10
3133	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Phialocephala fusca</i>	AF486122.1	100%	4.00E-113	89%	4
3137	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	3.00E-30	100%	6
3154	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	100%	1.00E-117	90%	8
3157	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Lophiostomataceae	<i>Lophiostoma cynaroidis</i>	FJ487937.1	100%	3.00E-104	88%	2
3160	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	9.00E-30	100%	2
3161	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Incybaceae	<i>Inocybe caesariata</i>	EU819498.1	100%	7.00E-46	78%	8
3168	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	Uncultured <i>Helotiaceae</i>	FJ554429.1	100%	1.00E-112	89%	2
3173	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	4.00E-133	93%	3
3176	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	50%	3.00E-49	88%	2
3183	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	3.00E-144	95%	6
3190	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cyphellophora</i> sp.	HQ631022.1	62%	2.00E-27	100%	8
3197	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	75%	3.00E-54	83%	4
3198	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016381.1	100%	8.00E-100	87%	4
3199	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Trichosphaeriales	NC	<i>Nigrospora oryzae</i>	FJ904917.1	100%	2.00E-155	97%	2
3224	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	1.00E-117	90%	2
3231	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria ochroleuca</i>	EU273558.1	100%	4.00E-133	93%	7
3233	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174693.1	98%	4.00E-108	89%	2
3234	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Polyscytalum Algarvense</i>	GQ303287.1	99%	4.00E-103	87%	5
3245	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Dermea ariae</i>	AF141158.1	100%	1.00E-107	88%	2
3265	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	54%	2.00E-51	87%	16
3271	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Mariannaea aquaticola</i>	GQ153838.1	99%	5.00E-77	83%	2
3275	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	49%	1.00E-28	97%	2
3289	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium psammospurum</i>	GU566287.1	100%	5.00E-137	93%	2
3295	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	59%	7.00E-26	100%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
3302	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	57%	2.00E-27	97%	10
3308	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	7.00E-31	100%	2
3311	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i>	FJ904913.1	100%	5.00E-167	99%	9
3314	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Podospora didyma</i>	AY999127.1	99%	9.00E-90	85%	2
3339	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Terramycetaceae	<i>Boothiomycetes</i> sp.	EF585656.1	99%	1.00E-78	83%	7
3346	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Gigasporaceae	<i>Gigaspora rosea</i>	FN547583.1	99%	8.00E-135	93%	3
3349	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	4.00E-88	85%	2
3357	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	46%	1.00E-43	88%	7
3379	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Apodus decedius</i>	AY681199.1	99%	1.00E-93	86%	3
3394	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Trichosporonales</i> sp.	EF060484.1	100%	1.00E-122	91%	4
3395	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	53%	7.00E-31	100%	6
3398	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	97%	1.00E-103	88%	7
3416	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phoma medicaginis</i> var. <i>medicaginis</i>	AY504634.1	16%	2.00E-11	92%	9
3418	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Terramycetaceae	<i>Boothiomycetes</i> sp.	EF585656.1	61%	1.00E-63	96%	7
3425	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria cinnabarina</i>	AB237663.1	100%	2.00E-130	93%	2
3432	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Phialocephala fortinii</i>	EU882733.1	100%	1.00E-107	88%	2
3442	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	98%	3.00E-149	96%	5
3452	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	99%	1.00E-117	90%	2
3453	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Erysiphales	Erysiphaceae	<i>Erysiphe deutziae</i>	DQ861918.1	17%	2.00E-16	96%	2
3458	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	33%	2.00E-22	85%	2
3464	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Phialocephala fusca</i>	AF486122.1	99%	6.00E-111	89%	2
3469	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Atheliales	Atheliaceae	<i>Byssocorticium atrovirens</i>	AJ889936.1	100%	4.00E-73	83%	8
3473	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium oxysporum</i>	EU888922.1	100%	1.00E-162	98%	10

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
3482	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita concentrica</i>	AB080783.1	56%	7.00E-51	96%	6
3485	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Phialocephala virens</i>	AF486132.1	100%	3.00E-89	85%	15
3486	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	98%	1.00E-88	85%	4
3492	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus laurentii</i>	FN428926.1	92%	5.00E-102	88%	6
3497	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Sporobolomycetes</i> sp.	FJ210642.1	59%	2.00E-55	100%	2
3498	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria heimii</i>	AY333921.1	43%	7.00E-56	95%	3
3499	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Parmelia tiliaceae</i>	AF457923.1	31%	9.00E-20	85%	2
3511	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	33%	2.00E-22	85%	10
3521	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Kockovaella calophylli</i>	AB042227.1	92%	7.00E-101	88%	4
3524	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Rhizopus deleamar</i>	HQ435103.1	36%	1.00E-33	90%	4
3525	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces australis</i>	FJ810168.1	100%	1.00E-137	93%	3
3527	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrophorus pudorinus</i>	FJ845408.1	100%	3.00E-54	80%	7
3529	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chaetosphaeria bombycina</i>	EU037892.1	94%	2.00E-95	87%	2
3538	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	75%	7.00E-61	84%	9
3540	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Stenella araguata</i>	EU019250.2	100%	1.00E-47	78%	2
3556	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Phallales	Clathraceae	<i>Clathrus ruber</i>	GQ981501.1	100%	6.00E-111	89%	14
3560	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Cateractispora recepticuli</i>	AF177153.1	98%	3.00E-74	83%	4
3566	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	FJ810134.1	100%	5.00E-127	92%	4
3570	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	34%	9.00E-25	86%	2
3573	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035404.1	100%	2.00E-131	93%	7
3575	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	1.00E-63	81%	4
3594	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Tetraplospheariaceae	<i>Polyposphaeria fusca</i>	AB524790.1	93%	6.00E-111	90%	2
3599	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Lophiostomataceae	<i>Lophiostoma</i> sp.	HM116744.1	100%	2.00E-151	96%	8

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
3615	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Sphaeropsis sapinea</i>	AY160198.1	100%	4.00E-58	80%	2
3617	Bas.	Pucciniomycotina	NC	NC	NC	<i>Rhodotorula philyla</i>	AF444506.1	95%	3.00E-104	89%	8
3620	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	2.00E-111	89%	7
3624	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Ceratobasidiaceae	<i>Ceratobasidium</i> sp.	DQ102424.1	100%	4.00E-58	80%	4
3635	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	46%	7.00E-21	97%	2
3637	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Laccaria proxima</i>	GQ994982.1	42%	1.00E-23	83%	3
3650	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	HQ108019.1	55%	7.00E-46	85%	11
3652	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174689.1	100%	2.00E-116	90%	2
3657	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium luzulae</i>	AB540574.1	100%	8.00E-120	91%	2
3658	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Sarcosphaera coronaria</i>	DQ200842.1	54%	3.00E-29	100%	3
3677	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	1.00E-83	84%	2
3679	Bas.	NC	Agaricomycetes	Polyporales	Phanerochaetaceae	<i>Phlebiopsis</i> sp.	EU002911.1	100%	9.00E-169	99%	3
3683	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocalulus</i>	FJ160946.1	47%	1.00E-28	100%	4
3697	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Mycena cinerella</i>	GU234146.1	100%	2.00E-85	85%	2
3703	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547545.1	53%	5.00E-32	100%	2
3728	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	HQ412610.1	99%	1.00E-167	99%	8
3756	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Vertexicola confusa</i>	AF177151.1	99%	5.00E-102	87%	6
3771	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Cordyceps militaris</i>	GU390587.1	100%	2.00E-126	92%	7
3774	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Xenostigmata zilleri</i>	FJ839639.1	100%	2.00E-136	93%	3
3776	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita rubrovolvata</i>	AB096055.1	62%	1.00E-62	100%	2
3782	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	3.00E-99	87%	3
3785	Bas.	Pucciniomycotina	Atractiellomycetes	Atractiellales	NC	<i>Atractiellales</i> sp.	EF406119.1	90%	3.00E-79	85%	6
3803	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	100%	1.00E-67	82%	2
3834	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Vermispora fusarina</i>	AY776170.1	69%	4.00E-38	80%	2
3837	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita aerolata</i>	AB167727.1	100%	8.00E-60	80%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
3844	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria asperulospora</i>	EU784186.1	100%	2.00E-55	80%	13
3862	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Heydenia alpina</i>	HQ688653.1	58%	2.00E-50	86%	4
3866	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cosmospora vilior</i>	GU067755.1	100%	4.00E-152	96%	3
3883	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	61%	1.00E-33	100%	4
3901	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Placopyrenium bucekii</i>	EU010246.1	100%	4.00E-78	83%	6
3926	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Exidiaceae	<i>Eichleriella leveilleana</i>	AY509553.1	100%	1.00E-87	85%	2
3937	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Catinella olivaceae</i>	DQ915483.1	47%	4.00E-43	88%	2
3942	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	2.00E-86	84%	3
3946	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Kockovaella calophylli</i>	AB042227.1	96%	1.00E-47	78%	5
3948	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudeurotium bakeri</i>	GU934582.1	99%	6.00E-116	90%	2
3953	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Daldinia concentrica</i>	FN539044.1	100%	2.00E-100	87%	3
3958	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547546.1	57%	4.00E-33	97%	3
3969	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Trichosporon sporotrichoides</i>	AF444470.1	92%	6.00E-136	96%	2
3970	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	99%	1.00E-98	87%	3
3971	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Sporomiaceae	<i>Preussia</i> sp.	GU062204.1	100%	4.00E-103	88%	2
3974	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	31%	2.00E-21	86%	6
3980	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Picoa juniperi</i>	GU391564.1	58%	2.00E-55	87%	2
3983	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	3.00E-34	100%	2
3990	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	1.00E-32	100%	6
3992	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida sake</i>	AJ549822.1	100%	6.00E-161	98%	3
3995	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	HQ406811.1	100%	3.00E-139	94%	3
4001	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus custos</i>	GQ205075.1	44%	1.00E-37	87%	5
4003	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Xenasmataella vaga</i>	AY781267.1	100%	8.00E-100	87%	4

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
4011	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Veronaeopsis simplex</i>	EU075549.1	50%	2.00E-60	100%	2
4016	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	AJ969617.1	44%	2.00E-22	96%	2
4020	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria</i> sp.	GU222315.1	100%	7.00E-66	81%	3
4025	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Lycoperdaceae	<i>Lycoperdon ericaeum</i>	FJ481030.1	100%	3.00E-84	84%	3
4048	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Cerrena unicolor</i>	GU067741.1	100%	1.00E-63	81%	9
4054	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Sordariomycete</i> sp.	EF694650.1	100%	1.00E-117	90%	6
4072	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	AJ969617.1	49%	7.00E-31	96%	4
4073	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Eurotium amstedolami</i>	EF151446.1	100%	2.00E-71	82%	5
4081	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus proliferum</i>	FN547501.1	97%	2.00E-105	88%	4
4089	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus flavescens</i>	AB085806.1	100%	9.00E-169	99%	2
4104	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria lucida</i>	GU062255.1	100%	1.00E-103	87%	3
4105	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Marasmius brunneospemus</i>	FJ904968.1	61%	5.00E-47	97%	8
4115	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Trichophaea cf. hybrida</i>	DQ200834.1	50%	1.00E-42	86%	4
4130	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Antennariella placitae</i>	GQ303268.1	100%	3.00E-154	96%	6
4135	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Gyoerffyyella</i> sp.	EF601602.1	100%	9.00E-169	99%	2
4144	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	5.00E-67	81%	4
4149	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Petigerales	Pannariaceae	<i>Psoroma buchananii</i>	GQ927300.1	17%	4.00E-18	98%	3
4153	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Davidiellaceae	<i>Cladosporium perangustum</i>	HM148149.1	100%	9.00E-164	98%	8
4185	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	3.00E-134	93%	6
4187	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida boidinii</i>	FJ914930.1	48%	2.00E-46	88%	9
4194	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	8.00E-110	89%	9
4212	Lbf.	Zoopagomycotina	NC	Zoopagales	Piptocephalidaceae	<i>Kuzuhaea moniliformis</i>	AY997057.1	32%	3.00E-20	85%	4
4227	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina allantoidea</i>	AF490396.1	65%	1.00E-52	96%	3
4229	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	NC	<i>Paecilomyces inflatus</i>	GU566291.1	100%	4.00E-88	85%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
4250	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ascomycota</i> sp.	HQ649984.1	100%	5.00E-77	83%	5
4259	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe glutinipes</i> var. <i>rubra</i>	EU435149.1	41%	9.00E-30	100%	2
4267	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	1.00E-32	100%	6
4275	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Myriangiales	Elsinoaceae	<i>Elsinoe eucalyptorum</i>	DQ923530.1	54%	9.00E-50	97%	12
4276	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria</i> sp.	GU222315.1	100%	1.00E-58	80%	3
4280	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomyces</i> sp.	AM292198.1	61%	2.00E-65	100%	2
4282	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phoma medicaginis</i> var. <i>medicaginis</i>	AY504634.1	13%	3.00E-10	97%	9
4286	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	60%	1.00E-32	100%	2
4288	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Xylariales</i> sp.	AB511813.1	94%	6.00E-146	97%	13
4313	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	8.00E-105	88%	2
4314	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Russula</i> sp.	GU222292.1	48%	1.00E-43	100%	3
4325	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	8.00E-115	89%	4
4330	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Dothideales	Dothioraceae	<i>Aureobasidium pullulans</i>	DQ680843.1	93%	2.00E-86	86%	2
4339	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomereaceae	<i>Glomus mosseae</i>	GQ388716.1	17%	7.00E-16	94%	2
4342	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Cordyceps myrmecophila</i>	AJ786582.1	51%	9.00E-35	83%	10
4351	Asc.	Pezizomycotina	NC	NC	NC	<i>Leptodiscella chlamydospora</i>	FR745398.1	53%	9.00E-65	93%	8
4362	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps bicephala</i>	AJ309365.1	48%	7.00E-36	85%	2
4367	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pileolariaceae	<i>Pileolaria terebinthi</i>	HM639744.1	51%	1.00E-28	98%	6
4384	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Nodulisporium</i> sp.	GQ906948.1	100%	3.00E-159	97%	6
4386	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Lipomycetaceae	<i>Lypomyces spencermartinsiae</i>	U82455.1	94%	2.00E-146	97%	2
4390	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Terfezia claverryi</i>	HM352545.1	53%	3.00E-30	100%	5
4395	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Lechnocladiaceae	<i>Vararia</i> sp.	DQ241775.1	64%	2.00E-51	85%	2
4400	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AJ567735.1	85%	2.00E-76	86%	3
4406	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	46%	1.00E-28	83%	2
4415	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	100%	1.00E-83	85%	5

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
4428	Bas.	Pucciniomycotina	Agaricostilbomycetes	NC	NC	<i>Kurtzmanomyces tardus</i>	AF444566.1	35%	1.00E-33	89%	4
4430	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	8.00E-80	84%	2
4454	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174693.1	100%	8.00E-105	88%	2
4460	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Ramariopsis kunzei</i>	GU187552.1	98%	1.00E-52	79%	4
4473	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Whalleya microplaca</i>	EF026129.1	94%	4.00E-53	80%	2
4478	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i> sp.	AY174709.1	55%	1.00E-32	98%	2
4491	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cosmospora vilior</i>	GU067755.1	100%	2.00E-146	95%	2
4495	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida blankii</i>	HM564395.1	45%	5.00E-42	88%	8
4507	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	HQ631059.1	100%	1.00E-58	80%	13
4513	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	2.00E-120	91%	2
4520	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160946.1	48%	4.00E-18	100%	6
4534	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Dothideales	Dothioraceae	<i>Aureobasidium pullulans</i>	DQ680843.1	92%	6.00E-101	88%	2
4546	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella</i> sp.	GU017495.1	43%	9.00E-50	93%	5
4552	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	99%	1.00E-118	90%	3
4557	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria calvescens</i>	HM161457.1	99%	4.00E-48	79%	10
4571	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	FJ873575.1	50%	3.00E-44	87%	3
4586	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	3.00E-69	82%	5
4588	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Dipodascaceae	<i>Galactomyces geotrichum</i>	AJ279451.1	98%	2.00E-126	92%	3
4638	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	31%	4.00E-23	87%	10
4640	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	5.00E-67	81%	10
4651	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Sacostroma bisetulatum</i>	EU552155.1	100%	6.00E-96	86%	3
4662	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium roridum</i>	GU074399.1	100%	5.00E-117	90%	2
4676	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina calcea</i>	AJ427408.1	100%	8.00E-90	85%	2
4677	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Diatrypaceae	<i>Phaeoisaria clematidis</i>	EU552148.1	100%	6.00E-146	95%	9

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
4680	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Lachnocladiaceae	<i>Lachnocladiaceae</i> sp.	AB512323.1	94%	8.00E-75	84%	3
4687	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycleptodiscus indicus</i>	GU980698.1	100%	3.00E-39	77%	3
4715	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Dactylella oviparasitica</i>	AY970525.1	100%	5.00E-47	78%	3
4761	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	NC	<i>Rhizophydiales</i> sp.	EF634249.1	34%	2.00E-27	87%	10
4763	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	3.00E-79	83%	3
4769	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella capsellae</i>	GU214662.1	99%	3.00E-99	87%	3
4774	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Polyporaceae	<i>Polyporus arcularius</i>	AF516524.1	99%	6.00E-101	87%	12
4782	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	100%	7.00E-66	81%	4
4785	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	FM865556.2	98%	2.00E-96	87%	5
4790	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Phaeothecoidea intermedia</i>	GQ852754.1	100%	5.00E-97	87%	2
4805	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Camarophyllus impurus</i>	GU233363.1	50%	9.00E-50	100%	2
4812	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Montagnulaceae	<i>Paraphaeosphaeria</i> sp.	HQ637290.1	47%	9.00E-45	88%	5
4816	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	2
4859	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps</i> sp.	HQ339880.1	100%	2.00E-151	96%	2
4875	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	DQ485639.1	98%	7.00E-61	81%	5
4887	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	100%	1.00E-77	84%	3
4894	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Auriscalpiaceae	<i>Clavicornia taxophila</i>	GQ981502.1	99%	1.00E-93	86%	2
4897	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Fimetariella rabenhorstii</i>	HQ406808.1	100%	2.00E-51	79%	4
4900	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrophorus olivaceoalbus</i>	FJ845410.1	100%	1.00E-72	83%	4
4904	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Geastrales	Geastraceae	<i>Geastrum elegans</i>	EU784227.1	100%	3.00E-94	86%	2
4907	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Scleropezicula alnicola</i>	AF141168.1	100%	5.00E-117	90%	3
4939	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina</i> sp.	FJ792852.1	100%	5.00E-62	81%	2
4943	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Cortinarius carranzae</i>	EF420149.1	100%	3.00E-44	78%	2
4955	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Exidiaceae	<i>Exidia glandulosa</i>	AY509555.1	100%	2.00E-110	89%	9

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
4961	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Phaeangium lefebvrei</i>	GQ981519.1	58%	2.00E-51	86%	2
4968	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	99%	6.00E-101	87%	3
4988	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Physalaciaceae	<i>Armillaria heimii</i>	FJ664588.1	37%	3.00E-34	89%	6
4997	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	GQ254683.1	100%	1.00E-98	87%	3
5003	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophyidium aestuarii</i>	DQ485676.1	45%	5.00E-37	86%	3
5034	Bas.	Pezizomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe cantharellus</i>	EU784286.1	18%	3.00E-14	92%	2
5040	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus mycorrhizal</i>	AJ699064.1	100%	2.00E-145	95%	5
5047	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocalulus</i>	FJ160946.1	48%	9.00E-20	100%	6
5051	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae	<i>Pichia</i> sp.	HM461579.1	48%	1.00E-32	84%	2
5066	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Botryosphaeriales	Botryosphaeriaceae	<i>Botryosphaeria</i> sp.	FJ904820.1	100%	3.00E-79	83%	2
5076	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Phialocephala turiciensis</i>	AY078129.1	100%	2.00E-86	85%	2
5079	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	8.00E-90	85%	3
5080	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium daleae</i>	DQ132832.1	100%	5.00E-137	93%	8
5084	Bas.	NC	Agaricomycetes	Polyporales	Phanerochaetaceae	<i>Phlebiopsis</i> sp.	EU002911.1	100%	5.00E-77	83%	3
5108	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	3
5109	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035404.1	100%	2.00E-131	93%	5
5133	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Cryptococcus pseudolongus</i>	AB105353.1	95%	1.00E-162	100%	4
5173	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Mariannae camptospora</i>	EU551206.1	100%	5.00E-62	81%	8
5214	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	AB524027.1	100%	5.00E-122	91%	2
5218	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Petigerales	Nephromataceae	<i>Nephroma helveticum</i>	AY124129.1	17%	6.00E-17	96%	3
5225	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium spinulosum</i>	HQ406811.1	100%	1.00E-117	90%	2
5230	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Dipodascaceae	<i>Yarrowia lipolytica</i>	DQ683010.1	91%	3.00E-74	84%	10
5242	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	100%	4.00E-58	81%	3
5275	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	100%	1.00E-107	88%	6
5278	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida berthetii</i>	GU246259.1	50%	4.00E-33	100%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

176

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
5314	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Didymosphaeriaceae	<i>Didymosphaeria frutilis</i>	EU552123.1	93%	1.00E-38	78%	2
5322	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium globosum</i>	DQ485616.1	35%	9.00E-25	85%	2
5342	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis theae</i>	EF423551.1	100%	6.00E-111	89%	4
5357	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria cf. ochroleuca</i>	EU552110.1	100%	1.00E-77	83%	3
5361	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	DQ825967.1	49%	1.00E-47	88%	3
5370	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	99%	1.00E-118	90%	5
5373	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Aquaticola hongkongensis</i>	AF177156.1	100%	2.00E-70	82%	2
5380	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	6.00E-121	91%	4
5392	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	99%	1.00E-58	81%	3
5394	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Diatrypaceae	<i>Phaeoisaria clematidis</i>	EU552148.1	100%	2.00E-140	94%	7
5412	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnoporthaceae	<i>Gaemannomyces graminis</i> var. <i>tritici</i>	FJ771005.1	100%	3.00E-99	87%	4
5432	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	49%	9.00E-50	89%	4
5442	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus haptosporus</i>	EF392528.1	49%	5.00E-27	97%	2
5472	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Cordyceps memorabilis</i>	AJ488276.1	100%	1.00E-158	97%	3
5486	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria</i> sp.	GU222315.1	82%	2.00E-60	94%	3
5492	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria</i> sp.	GU222315.1	82%	2.00E-60	94%	4
5503	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174693.1	99%	1.00E-98	87%	3
5533	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phialea strobilina</i>	EF596821.1	100%	4.00E-133	93%	2
5538	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Retroconis fusiformis</i>	EU040239.1	100%	8.00E-85	85%	3
5549	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Dipodascaceae	<i>Galactomyces geotrichum</i>	AJ279445.1	100%	9.00E-169	99%	5
5555	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomyces</i> sp.	EF152531.1	52%	5.00E-57	100%	2
5571	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Leucopaxillus tricolor</i>	EU819413.1	100%	1.00E-67	81%	3
5575	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	99%	1.00E-88	85%	11
5585	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor racemosus</i>	AY213660.1	46%	3.00E-24	100%	3
5602	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	58%	4.00E-28	100%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
5605	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium salmoneum</i>	HM747162.1	42%	3.00E-35	87%	4
5609	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	2.00E-111	89%	4
5615	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Strophariaceae	<i>Psilocybe rhombispora</i>	FJ596921.1	90%	2.00E-136	96%	2
5617	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	1.00E-102	88%	3
5630	Glo.	Glomeromycota	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora callosa</i>	AB259841.2	50%	2.00E-31	83%	7
5642	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe mucronella</i>	FJ596923.1	37%	2.00E-29	85%	3
5670	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea variosepta</i>	EU041813.1	100%	2.00E-81	84%	2
5676	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium dimorphosporum</i>	FJ441614.1	99%	6.00E-96	86%	4
5686	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016384.1	100%	4.00E-88	85%	8
5693	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035405.1	83%	2.00E-56	100%	4
5705	NC	NC	NC	NC	NC	Uncultured fungus	AM260903.1	73%	1.00E-18	75%	5
5719	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	5.00E-127	92%	3
5724	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	100%	2.00E-145	95%	4
5750	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophyidium</i> sp.	EF585639.1	53%	2.00E-51	98%	2
5760	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Terramycetaceae	<i>Terramyces subangulosum</i>	DQ485673.1	36%	2.00E-22	84%	2
5767	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Calosphaeriales	Calosphaeriaceae	<i>Jattaea prunicola</i>	GU361954.1	38%	2.00E-46	94%	4
5785	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	98%	8.00E-140	94%	8
5794	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Pyrenochaeta</i> sp.	FJ439593.2	100%	3.00E-163	98%	2
5807	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Russula violeipes</i>	AY061726.1	41%	4.00E-38	100%	2
5813	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	9.00E-20	97%	4
5838	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Phialophora</i> sp.	U31845.1	100%	1.00E-88	85%	3
5854	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	53%	9.00E-55	98%	2
5858	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	2.00E-135	93%	2
5863	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Coniosporium</i> sp.	AJ971446.1	83%	2.00E-30	100%	3
5873	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	NC	<i>Rhizophydiales</i> sp.	EF634249.1	45%	3.00E-29	83%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
5902	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium persicinum</i>	AB540575.1	100%	1.00E-77	83%	3
5921	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Montagnulaceae	<i>Paraconiothyrium sporulosum</i>	GU062253.1	75%	9.00E-55	100%	2
5971	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus ranarum</i>	EF392532.1	43%	1.00E-23	100%	5
5982	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Tremella encephala</i>	EU673083.1	92%	6.00E-91	87%	3
5983	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Agyriales	Agyriaceae	<i>Sarea difformis</i>	FJ903295.1	100%	2.00E-106	88%	8
5986	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	FJ903294.1	100%	1.00E-137	93%	2
5999	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Clonostachys divergens</i>	GU934587.1	100%	2.00E-120	91%	3
6025	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Sporomiaceae	<i>Preussia minima</i>	EU551212.1	100%	2.00E-165	99%	2
6039	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	99%	8.00E-85	85%	5
6047	Bas.	Pucciniomycotina	Agaricostilbomycetes	NC	NC	<i>Sporobolomyces</i> sp.	AY313078.1	41%	2.00E-41	90%	8
6070	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria asperulospora</i>	EU784186.1	100%	1.00E-63	81%	4
6084	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma lucidum</i>	HM053467.1	100%	4.00E-162	98%	2
6091	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Catapyrenium lachneum</i>	AF333127.1	46%	1.00E-47	90%	11
6092	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosthaeriaceae	<i>Codinaeopsis</i> sp.	EF488392.1	98%	1.00E-88	86%	4
6098	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Amylocorticiales	Amylocorticiaceae	<i>Podoserpula pusio</i>	GU187554.1	57%	4.00E-23	95%	4
6106	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	99%	4.00E-73	83%	2
6107	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Tricholoma flavovirens</i>	AF458456.1	65%	3.00E-74	100%	2
6115	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Atheliales	Atheliaceae	<i>Tylospora fibrillosa</i>	HM581907.1	51%	2.00E-46	100%	4
6118	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	FJ175174.1	87%	3.00E-144	99%	2
6119	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrorquata lineata</i>	AF009807.1	100%	2.00E-91	86%	6
6128	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	NC	NC	<i>Cryptococcus</i> sp.	FJ008052.1	97%	1.00E-118	91%	3
6129	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Xenasmatella vaga</i>	AY781267.1	100%	8.00E-105	88%	3
6150	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Tricladium splendens</i>	GQ152147.1	70%	1.00E-57	93%	3
6184	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor racemosus</i>	AY213660.1	45%	5.00E-27	100%	2
6199	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	60%	2.00E-20	98%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
6204	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	NC	<i>Mortierellales</i> sp.	EF126336.1	97%	2.00E-155	98%	3
6208	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Inocybaceae	<i>Inocybe xanthomelas</i>	HQ604590.1	100%	1.00E-47	79%	11
6209	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea variosepta</i>	EU041813.1	100%	2.00E-81	84%	2
6217	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Calonectria zuluensis</i>	GQ280665.1	100%	2.00E-155	97%	2
6219	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	98%	1.00E-108	89%	3
6227	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Hymenochaetales	Hymenochaetaceae	<i>Inonotus levis</i>	GQ253462.1	52%	4.00E-23	79%	4
6253	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Entolomataceae	<i>Clitopilus prunulus</i>	EU273512.1	99%	2.00E-150	96%	3
6260	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Hyaloriaceae	<i>Pseudohydnum gelatinosum</i>	HQ604801.1	40%	5.00E-32	100%	3
6262	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita aspera</i>	AF085485.1	46%	1.00E-48	100%	6
6270	NC	NC	NC	NC	NC	Uncultured fungus	EF619885.1	57%	4.00E-63	90%	5
6289	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Lepista sordida</i>	FJ428582.1	100%	2.00E-61	82%	4
6321	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Flammulina velutipes</i>	HM561988.1	57%	4.00E-53	100%	4
6334	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Microglossum viride</i>	AY144534.1	99%	4.00E-98	87%	3
6337	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium cinctum</i>	AJ302004.1	100%	2.00E-161	98%	2
6342	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	6.00E-101	87%	7
6350	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Lecanicillium psalliotae</i>	AB360367.1	100%	8.00E-130	92%	7
6352	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	53%	3.00E-54	100%	3
6361	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita inopinata</i>	HQ533044.1	48%	1.00E-47	100%	3
6397	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Hyaloriaceae	<i>Tremiscus helvelloides</i>	DQ520100.1	99%	2.00E-66	81%	3
6399	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Talaromyces mimosinus</i>	L14526.1	41%	9.00E-30	100%	4
6407	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	100%	1.00E-122	91%	5
6422	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Trichosphaeriales	NC	<i>Nigrospora oryzae</i>	FJ904917.1	100%	2.00E-71	82%	3
6435	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria radiculicola</i>	GU934581.1	99%	2.00E-150	96%	2
6453	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Elderia arenivaga</i>	GQ231736.1	64%	7.00E-31	100%	3
6467	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Chromelosporium</i> sp. 'pink'	EU819508.1	62%	1.00E-33	98%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
6469	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Polyscytalum Algarvense</i>	GQ303287.1	100%	2.00E-95	86%	2
6483	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	5.00E-117	90%	3
6500	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylariaceae</i> sp.	EU009987.1	100%	1.00E-163	98%	9
6503	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	8.00E-75	83%	2
6517	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Atheliales	Atheliaceae	<i>Byssocorticium atrovirens</i>	AJ889936.1	100%	2.00E-76	83%	2
6526	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Filobasidiales	NC	<i>Cryptococcus</i> sp.	FJ210546.1	100%	9.00E-169	99%	2
6535	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Agaricaceae	<i>Lepiota castanea</i>	AF391026.1	92%	6.00E-106	89%	2
6536	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	1.00E-72	82%	5
6541	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	1.00E-113	89%	2
6564	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	8.00E-140	94%	2
6568	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911448.1	49%	1.00E-47	88%	5
6608	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Pleurotopsis longinqua</i>	AF012195.1	100%	1.00E-47	79%	2
6611	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium radicum</i>	EU262660.1	100%	5.00E-107	88%	4
6652	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Paecilomyces fumosoroseus</i>	AB086629.1	100%	2.00E-145	95%	2
6656	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Glomerellaceae	<i>Glomerella acuata</i>	AF488778.1	24%	1.00E-23	93%	2
6675	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria falcata</i>	GU234148.1	100%	8.00E-95	86%	2
6687	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	AJ969619.1	45%	9.00E-20	92%	2
6705	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Vermispora fusarina</i>	AY776169.1	59%	1.00E-42	100%	2
6708	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cercophora sulphurella</i>	AY587913.1	100%	1.00E-82	84%	2
6722	Glo.	NC	Glomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus laccatum</i>	AM295494.1	61%	5.00E-32	98%	3
6725	Asc.	Taphrinomycotina	NC	Archaeorhizomycetales	Archaeorhizomycetaceae	<i>Archaeorhizomyces finlayi</i>	JF836021.1	48%	4.00E-58	93%	2
6737	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Phaeangium lefebvrei</i>	GQ228095.1	56%	1.00E-47	86%	3
6740	Bas.	Agaricomycotina	Dacrymycetes	Dacrymycetales	Dacrymycetaceae	<i>Calocera cornea</i>	AY789083.1	95%	1.00E-73	84%	3
6751	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Terramycetaceae	<i>Boothiomycetes</i> sp.	EF585656.1	98%	5.00E-62	44%	4

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
6755	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	GQ458028.1	19%	2.00E-16	93%	8
6756	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium hansfordii</i>	AB540578.1	100%	8.00E-100	87%	3
6761	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174716.1	49%	7.00E-31	100%	5
6778	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Morchellaceae	<i>Morchella</i> sp.	GQ228474.1	52%	1.00E-47	87%	10
6791	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria arctica</i>	HM161454.1	48%	1.00E-47	100%	2
6796	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Peziza varia</i>	FN868472.1	41%	7.00E-21	100%	2
6803	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547546.1	48%	5.00E-27	100%	2
6810	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	DQ485626.1	100%	2.00E-55	80%	2
6822	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera fomosana</i>	AB118873.1	15%	6.00E-17	100%	2
6830	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Lauriomyces heliocephalus</i>	FJ839624.1	99%	2.00E-61	81%	6
6856	Lbf.	Kickxellomycotina	NC	Harpellales	Legeriomycetaceae	<i>Smittium culisetae</i>	AY997089.1	45%	1.00E-23	81%	4
6875	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera</i> sp.	AY313025.1	98%	1.00E-147	96%	3
6880	Glo.	Glomeromycota	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	HM748910.1	97%	8.00E-95	86%	3
6882	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	57%	1.00E-62	100%	2
6891	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Cenococcum geophilum</i>	Z48533.1	50%	1.00E-43	87%	2
6899	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Russula mariae</i>	EU819426.1	41%	2.00E-35	97%	4
6907	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	HM449696.1	37%	1.00E-28	86%	3
6937	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Pseudallescheria boydii</i>	GU566282.1	100%	5.00E-102	87%	7
6943	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Phialophora</i> sp.	U17216.1	97%	5.00E-67	82%	4
6953	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella dearnessii</i>	HM367708.1	37%	2.00E-51	97%	3
6956	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	AY349124.1	100%	3.00E-139	94%	2
6997	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaeae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626002.1	100%	3.00E-84	85%	10
7014	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chloridium</i> sp.	GQ331985.1	100%	2.00E-140	94%	7
7021	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor racemosus</i>	AY213660.1	45%	5.00E-27	100%	5

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
7061	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	6
7067	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Entolomataceae	<i>Entoloma chalybaeum</i> var. <i>lazulinum</i>	EU784215.1	100%	7.00E-56	80%	3
7099	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Hypocreaceae	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	AB027385.1	100%	9.00E-55	80%	4
7107	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria sorbina</i>	AY587934.1	99%	1.00E-83	84%	2
7111	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium psammosporum</i>	GU566287.1	100%	1.00E-123	91%	3
7113	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Humidicutis</i> cf. <i>marginata</i>	HM020694.1	100%	2.00E-86	85%	2
7168	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	Trechisporaceae	<i>Trechispora</i> sp.	DQ411534.1	85%	6.00E-81	87%	4
7171	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	100%	3.00E-143	95%	3
7198	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella alpina</i>	HQ637324.1	58%	8.00E-90	98%	3
7199	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	47%	7.00E-51	90%	7
7206	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Coniosporium</i> sp.	AJ971453.1	75%	1.00E-32	78%	4
7211	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Neonectria lucida</i>	GU062255.1	100%	4.00E-103	88%	4
7224	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Aspergillus clavatonanicus</i>	AF459727.1	100%	8.00E-135	93%	2
7229	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniastreaceae	<i>Pucciniastrum epilobii</i>	DQ445906.1	53%	1.00E-28	100%	4
7230	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	58%	2.00E-27	97%	3
7233	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AM980837.1	100%	3.00E-79	84%	2
7262	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	99%	4.00E-113	89%	3
7293	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	2.00E-31	100%	4
7315	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida saopaulonensis</i>	FJ515172.1	91%	1.00E-78	85%	2
7323	Lbf.	Kickxellomycotina	NC	Harpellales	Legeriomycetaceae	<i>Smittium culisetae</i>	AY997089.1	36%	5.00E-27	86%	2
7336	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Phaeangium lefebvrei</i>	GQ981518.1	57%	2.00E-46	85%	6
7340	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	NC	<i>Mortierellales</i> sp.	FN678837.1	99%	2.00E-66	82%	2
7367	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe hypohaemacta</i>	EU435150.1	73%	2.00E-41	97%	3
7377	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	2.00E-126	92%	2
7378	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Trichosphaeriales	NC	<i>Nigrospora sphaerica</i>	GQ919077.1	100%	8.00E-75	83%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
7391	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	47%	7.00E-46	89%	3
7432	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	3.00E-30	100%	3
7462	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	3.00E-74	82%	3
7483	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Corticiales	Corticaceae	<i>Hypochnicium wakefieldiae</i>	AF429420.1	80%	8.00E-60	83%	2
7515	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala pisciphila</i>	DQ826739.1	100%	9.00E-169	99%	6
7521	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Inocybaceae	<i>Inocybe cf. favrei</i>	FN550887.1	100%	1.00E-42	77%	5
7522	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Chaetomium</i> sp.	EU750692.1	100%	1.00E-137	93%	8
7531	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ612846.1	100%	2.00E-145	95%	4
7547	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911452.1	52%	2.00E-51	89%	2
7569	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784375.1	100%	2.00E-106	88%	2
7613	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Stachybotrys echinata</i>	AF205451.1	100%	2.00E-101	88%	2
7617	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Thozetella nivea</i>	EU825201.1	87%	5.00E-127	95%	2
7622	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	2.00E-86	85%	3
7670	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita pseudoinculta</i>	GQ925392.1	100%	7.00E-56	80%	4
7695	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	NC	<i>Umbelopsis isabellina</i>	GU062258.1	99%	2.00E-146	95%	2
7706	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps oxycephala</i>	EU573348.1	43%	3.00E-29	84%	8
7719	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Beauveria felina</i>	AY261367.1	100%	1.00E-68	82%	4
7726	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida catenulata</i>	GU246267.1	67%	1.00E-22	76%	2
7739	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Volutella ciliata</i>	AJ301967.1	98%	5.00E-72	82%	2
7744	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Cordycipitaceae	<i>Paecilomyces carneus</i>	AB258369.1	100%	5.00E-132	92%	2
7773	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Rhytismatales	Rhytismataceae	<i>Lophodermium agathidis</i>	GU138715.1	100%	8.00E-90	85%	2
7787	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	FJ873575.1	54%	3.00E-49	87%	3
7794	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe mucronella</i>	EU784332.1	52%	4.00E-38	97%	3
7797	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cosmospora vilior</i>	HM054160.1	42%	3.00E-39	97%	2
7822	Chy.	NC	Chytridiomycetes	NC	NC	<i>Rhizophydiales</i> sp.	EF634249.1	43%	1.00E-28	84%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
7823	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Terfezia claverryi</i>	HM352545.1	37%	3.00E-20	100%	3
7833	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium allii</i>	FJ430766.1	100%	5.00E-137	93%	4
7859	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	1.00E-82	84%	2
7868	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	3.00E-30	100%	6
7874	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Cortinarius sinapicolor</i>	HM060328.1	100%	5.00E-42	77%	9
7889	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	5.00E-32	100%	2
7892	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865605.1	100%	3.00E-99	87%	4
7899	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	NC	NC	<i>Cryptococcus</i> sp.	FJ008052.1	100%	8.00E-100	87%	2
7926	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Venturia maculiformis</i>	EU035463.1	72%	7.00E-66	98%	3
7973	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Scutellinia subhirtella</i>	AY220827.1	51%	2.00E-46	87%	4
8017	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium dimorphosporum</i>	FJ441614.1	97%	1.00E-92	86%	2
8030	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Aspergillus rambellii</i>	AJ874116.1	100%	3.00E-104	88%	3
8037	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Mycocaliciales	Mycocaliciaceae	<i>Phaeocalicium populneum</i>	AY795874.1	59%	2.00E-60	89%	2
8061	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Peziza varia</i>	FN868472.1	42%	9.00E-20	100%	2
8066	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	6.00E-131	93%	4
8070	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus mycorrhizal</i>	AJ716311.1	100%	3.00E-129	92%	2
8084	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF010926.1	100%	4.00E-53	80%	6
8089	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	NC	NC	<i>Rhodotorula</i> sp.	AB474394.1	100%	4.00E-103	88%	2
8105	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Psathyrellaceae	<i>Coprinus disseminatus</i>	AF296772.1	89%	5.00E-137	97%	3
8107	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrorhiza lineata</i>	AF009807.1	100%	1.00E-93	86%	7
8110	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium anisopliae</i>	FJ481014.1	100%	3.00E-94	86%	5
8122	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium janthinellum</i>	GU212865.1	100%	7.00E-160	98%	8
8127	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865607.1	100%	3.00E-104	88%	12
8143	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Blastobotrys nivea</i>	FM178346.1	49%	5.00E-47	88%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
8147	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Ramariopsis kunzei</i>	GU187552.1	100%	4.00E-73	82%	2
8181	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Halosphaeriaceae	<i>Corollospora portsaidica</i>	AB361031.1	43%	9.00E-40	97%	3
8182	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	7.00E-31	97%	7
8203	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	8.00E-90	85%	2
8214	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	48%	2.00E-46	88%	4
8232	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	6.00E-116	90%	4
8241	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Sordariaceae	<i>Sordaria fimicola</i>	FN868475.1	100%	4.00E-167	99%	2
8246	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Inocybaceae	<i>Inocybe lacera</i> var. <i>lacera</i>	HQ604446.1	53%	2.00E-46	100%	4
8247	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora kentinensis</i>	FN547523.1	38%	3.00E-21	97%	2
8264	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria subcrustosa</i>	EU010254.1	100%	8.00E-75	83%	9
8294	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ613095.1	100%	2.00E-151	96%	3
8304	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Peltigerales	Collembateae	<i>Psoroma euphyllum</i>	AF350291.1	65%	1.00E-52	96%	3
8353	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Spizellomycetales	Olpidiaceae	<i>Olpidium brassicae</i>	AB205206.1	30%	2.00E-16	100%	3
8360	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547545.1	56%	9.00E-30	100%	2
8367	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Dermea padi</i>	AF141160.1	100%	1.00E-78	83%	2
8372	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	36%	3.00E-29	87%	4
8376	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium solani</i>	HQ026747.1	100%	3.00E-129	92%	2
8383	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Podospora didyma</i>	AY999127.1	100%	5.00E-72	83%	2
8385	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrophorus auratocephalus</i>	HM020681.1	100%	8.00E-90	85%	3
8387	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	FJ487930.1	100%	1.00E-63	81%	3
8388	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria</i> sp.	FN185970.1	100%	1.00E-47	79%	3
8391	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium dimorphosporum</i>	AB278185.1	100%	7.00E-165	99%	2
8417	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174689.1	100%	1.00E-117	90%	2
8420	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	50%	3.00E-20	97%	4
8421	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	94%	1.00E-107	89%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
8434	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	99%	2.00E-96	86%	9
8446	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	1.00E-102	87%	7
8474	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella sublilacina</i>	AJ889976.1	100%	2.00E-126	92%	3
8480	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida lignohabitans</i>	HM208611.1	38%	4.00E-38	90%	3
8487	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Cyclothyrium</i> sp.	FJ025227.1	98%	2.00E-96	86%	6
8492	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AM980850.1	30%	9.00E-20	86%	2
8516	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Sordariomycetes</i> sp.	EU002935.1	98%	1.00E-138	94%	3
8537	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	3
8549	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	2.00E-65	81%	2
8564	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocalulus</i>	FJ160946.1	46%	3.00E-20	100%	2
8608	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547525.1	59%	5.00E-32	98%	2
8621	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor fuscus</i>	FN650654.1	52%	3.00E-25	96%	2
8623	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	100%	1.00E-83	84%	2
8632	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	100%	1.00E-83	84%	9
8633	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911452.1	52%	5.00E-47	87%	2
8640	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Gibberella pulicaris</i>	X65477.1	100%	7.00E-160	97%	2
8651	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	3.00E-94	86%	3
8661	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora alpina</i>	AJ891109.1	21%	3.00E-15	90%	2
8680	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	2.00E-86	85%	9
8691	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	7.00E-31	97%	3
8699	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus claroideum</i>	EF989119.1	80%	2.00E-37	78%	2
8700	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Kappamycetaceae	<i>Kappamyces</i> sp.	EF585664.1	99%	1.00E-53	80%	3
8715	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865607.1	98%	6.00E-101	87%	3
8718	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035406.1	100%	2.00E-90	85%	2
8760	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Rhodotorula graminis</i>	FR717633.1	42%	2.00E-55	95%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
8781	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps nutans</i>	AB544491.1	35%	7.00E-26	86%	2
8783	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	FJ624263.1	100%	1.00E-148	96%	2
8812	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016380.1	100%	2.00E-85	85%	2
8814	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera panici</i>	AY188386.1	54%	1.00E-48	100%	4
8815	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Cystofilobasidiales	NC	<i>Trichosporon lignicola</i> var. <i>undulatum</i>	AF444482.1	92%	6.00E-136	96%	2
8820	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Mycena citrinomarginata</i>	GU234150.1	100%	5.00E-112	89%	3
8847	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Camarophyllopsis schulzeri</i>	GU187556.1	55%	7.00E-46	96%	2
8862	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	59%	5.00E-27	97%	7
8892	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Capronia pilosella</i>	DQ826737.1	100%	1.00E-68	82%	5
8915	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium</i> sp.	EF634395.1	89%	1.00E-122	94%	2
8925	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	GU592002.1	100%	2.00E-115	89%	2
8928	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus haptosporus</i>	EF392529.1	49%	5.00E-32	100%	4
8930	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Resupinatus conspersus</i>	AY571061.1	61%	7.00E-61	95%	2
8943	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycoleptodiscus terrestris</i>	U97332.1	95%	1.00E-77	84%	4
8961	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	100%	6.00E-91	85%	2
8979	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium dimorphosporum</i>	AB278185.1	100%	1.00E-82	84%	4
8996	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	1.00E-88	86%	4
9036	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Dactylellina lobatum</i>	AF106524.1	100%	1.00E-87	85%	4
9044	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Ochrocladosporium elatum</i>	EU040233.1	100%	4.00E-88	85%	2
9071	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria</i> sp.	GU222315.1	80%	2.00E-60	95%	2
9138	Asc.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Cortinarius leiocastaneus</i>	EU259288.1	100%	2.00E-61	81%	2

Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
9146	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus haptosporus</i>	EF392531.1	48%	3.00E-34	100%	2
9164	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	6.00E-81	84%	8
9175	Bas.	NC	Agaricomycetes	Polyporales	Phanerochaetaceae	<i>Phlebiopsis</i> sp.	EU002911.1	100%	4.00E-83	84%	2
9190	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus haptosporus</i>	EF392529.1	43%	2.00E-31	100%	2
9211	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Capronia leucandendri</i>	EU552108.1	100%	1.00E-107	88%	3
9212	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	3.00E-99	87%	6
9220	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	1.00E-103	88%	5
9265	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrotorquata lineata</i>	AF009807.1	100%	2.00E-91	86%	2
9284	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Agyriales	Agyriaceae	<i>Sarea diffomis</i>	FJ903295.1	100%	2.00E-86	85%	2
9290	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	58%	1.00E-28	97%	2
9299	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	NC	<i>Microdochium</i> sp.	AM502258.1	100%	2.00E-156	97%	4
9371	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Lactarius</i> cf. <i>piperatus</i>	AB459515.1	32%	7.00E-21	100%	2
9412	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	DQ485639.1	94%	4.00E-83	85%	4
9471	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria lugdunensis</i>	DQ247776.1	100%	1.00E-107	88%	2
9519	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria</i> sp.	DQ322131.1	100%	8.00E-105	88%	2
9533	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Gomphales	Gomphaceae	<i>Ramaria</i> sp.	FJ596799.1	90%	5.00E-97	88%	2
9558	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Dothideomycete</i> sp.	EU680536.1	100%	1.00E-162	98%	2
9560	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Ceratobasidiaceae	<i>Ceratobasidium</i> sp.	GQ175303.1	100%	2.00E-105	88%	3
9571	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Fungal endophyte</i>	FJ025347.1	100%	3.00E-99	87%	5
9572	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Neofabraea alba</i>	EU098124.1	100%	2.00E-91	85%	2
9679	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora</i> sp.	EU139127.1	75%	7.00E-66	86%	2
9712	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Capronia</i> sp.	EU139157.1	27%	2.00E-35	97%	2
9718	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Schizothyriaceae	<i>Schizothyrium pomi</i>	GU570543.1	100%	1.00E-73	83%	4

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
9720	Bas.	NC	Entorrhizomycetes	Entorrhizales	Entorrhizaceae	<i>Entorrhiza aff. fineranae</i>	DQ645527.1	100%	2.00E-65	81%	2
9770	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Thelephora terrestris</i>	GU931704.1	100%	5.00E-107	88%	3
9776	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Spizellomycetales	Spizellomycetaceae	<i>Spizellomyces plurigibbosus</i>	FJ827722.1	30%	7.00E-16	100%	2
9777	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Dictyochoeta simplex</i>	EF029233.1	90%	2.00E-105	90%	2
9779	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Glomerellaceae	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	FJ624257.1	100%	3.00E-64	81%	4
9802	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor racemosus</i>	AY213660.1	42%	7.00E-21	100%	2
9816	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora kentinensis</i>	FN547523.1	14%	1.00E-13	97%	5
9820	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	100%	7.00E-61	81%	3
9826	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Bipolaris sorokiniana</i>	DQ337383.1	100%	5.00E-127	92%	2
9860	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	6.00E-76	83%	2
9869	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	48%	2.00E-46	88%	4
9876	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016385.1	100%	5.00E-92	86%	2
9892	Bas.	NC	Entorrhizomycetes	Entorrhizales	Entorrhizaceae	<i>Entorrhiza aff. fineranae</i>	DQ645527.1	100%	4.00E-123	91%	3
9903	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	99%	4.00E-108	89%	3
9904	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174691.1	100%	2.00E-80	84%	2
9906	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	Sporomiaceae	<i>Preussia complex</i>	FJ210518.1	100%	2.00E-86	85%	2
9914	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Clavulinaceae	<i>Clavulina</i> sp.	EU526004.1	100%	5.00E-67	81%	3
9931	Lbf.	Kickxellomycotina	NC	Harpellales	Legeriomycetaceae	<i>Smittium culisetae</i>	AY997089.1	36%	3.00E-25	85%	3
9961	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe conica</i>	EU784300.1	100%	3.00E-39	77%	2
9968	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium</i> sp.	HM992524.1	100%	5.00E-112	89%	2
9974	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	4.00E-128	92%	4
9983	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria cylindrica</i>	AF096199.1	77%	2.00E-35	78%	2
9984	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	99%	3.00E-109	89%	3
9993	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	AJ969617.1	61%	2.00E-35	96%	2
10006	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Corticiales	Corticaceae	<i>Limnomycetes culmigenus</i>	EU622849.1	63%	1.00E-68	97%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
10019	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	2.00E-31	100%	2
10026	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Dioszegia takashimae</i>	DQ003332.1	100%	1.00E-152	96%	2
10044	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Graphiopsis chlorocephala</i>	EU009458.2	38%	9.00E-45	93%	2
10074	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Viridiospora alata</i>	EU860055.1	94%	5.00E-122	92%	4
10108	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ascomycota</i> sp.	FJ008678.1	34%	1.00E-38	93%	4
10137	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita rubescens</i>	AM084702.1	55%	2.00E-35	100%	2
10158	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Onygenales	Onygenaceae	<i>Uncinocarpus reesii</i>	AB361654.1	16%	7.00E-16	98%	2
10162	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Halosphaeriaceae	<i>Phaeonectriella lignicola</i>	FR681846.2	100%	2.00E-116	90%	4
10164	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Cryptococcus laurentii</i>	FN428897.1	91%	3.00E-79	85%	6
10232	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160945.1	45%	1.00E-18	100%	2
10244	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Peltaster fructicola</i>	HQ386247.2	57%	4.00E-78	95%	2
10299	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU625994.1	95%	1.00E-48	79%	2
10340	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Nectria cinnabarina</i>	GU062225.1	100%	1.00E-77	83%	2
10353	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	Helminthosphaeriaceae	<i>Spadicoides bina</i>	FJ903361.1	100%	3.00E-94	86%	2
10363	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Humidicutis cf. marginata</i>	HM020694.1	43%	4.00E-33	96%	6
10396	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Clitocybula atroalba</i>	DQ192179.1	100%	4.00E-83	84%	4
10447	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Bulleribasidium oberjochense</i>	GU327541.1	17%	6.00E-17	98%	2
10488	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Canopdiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella dendritica</i>	EF394832.1	100%	6.00E-111	89%	2
10491	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Diaporthales	NC	<i>Harknessia capensis</i>	FR667999.1	34%	9.00E-40	93%	4
10503	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	NC	<i>Batcheloromyces leucandendri</i>	EU552103.1	99%	8.00E-115	90%	3
10524	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera</i> sp.	AY313035.1	53%	2.00E-37	100%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
10545	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Agaricaceae	<i>Tulostoma niveum</i>	EU784437.1	100%	1.00E-57	80%	2
10550	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliiales	Orbiliaceae	<i>Arthrobotrys musiformis</i>	U51948.1	99%	1.00E-143	95%	2
10552	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Dasyscyphella longistipitata</i>	AB481239.1	100%	1.00E-118	90%	5
10567	Glo.	NC	Glomeromycetes	Diversisporales	Acaulosporaceae	<i>Acaulospora morrowiae</i>	AM905249.1	59%	1.00E-28	80%	2
10626	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycophetodiscus terrestris</i>	U97332.1	95%	1.00E-77	84%	2
10631	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium minioluteum</i>	EU833222.1	100%	1.00E-152	96%	2
10676	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Thricholomataceae	<i>Mycena pura</i>	EU517505.1	89%	1.00E-108	91%	2
10701	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerella handelii</i>	EU167581.1	100%	3.00E-114	90%	6
10739	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ613095.1	100%	4.00E-118	90%	2
10741	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Resupinatus conspersus</i>	AY571061.1	61%	7.00E-61	95%	2
10745	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Sarcoscyphaceae	<i>Sarcoscypha javensis</i>	AF026307.1	53%	4.00E-48	87%	2
10750	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	HQ649910.1	49%	3.00E-49	89%	3
10755	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps nutans</i>	AB544491.1	45%	3.00E-34	85%	2
10765	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Pilobolaceae	<i>Utharomyces epallocaulus</i>	FJ160946.1	46%	3.00E-20	100%	2
10779	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps</i> sp.	HQ339880.1	100%	1.00E-142	95%	2
10820	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Nodulisporium</i> sp.	HM855208.1	90%	4.00E-148	98%	3
10854	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	NC	NC	<i>Cryptococcus</i> sp.	HQ631024.1	49%	2.00E-45	100%	8
10856	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe occidentalis</i> var. <i>occidentalis</i>	EU435151.1	48%	4.00E-28	100%	2
10887	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Staninwardia suttonii</i>	DQ923535.2	100%	2.00E-115	90%	4
10926	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Acremonium atrogriseum</i>	AB540569.1	98%	2.00E-80	84%	3
10952	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella ellisii</i>	HQ406823.1	100%	1.00E-123	91%	2
11031	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus claroideum</i>	GQ388713.1	61%	1.00E-48	100%	2
11066	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	2.00E-130	92%	2
11077	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria cf. ochroleuca</i>	EU552110.1	98%	5.00E-67	82%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
11085	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina allantoides</i>	AF490396.1	100%	5.00E-87	85%	2
11086	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Arachnopeziza aurata</i>	U57496.1	95%	6.00E-111	90%	3
11093	Lbf.	Kickxellomycotina	NC	Harpellales	Legeriomycetaceae	<i>Smittium culisetae</i>	AY997089.1	34%	3.00E-24	86%	2
11127	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	8.00E-140	94%	2
11145	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Camarophyllus impurus</i>	GU233363.1	43%	3.00E-34	96%	2
11158	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Tremellales sp.</i>	GQ438836.1	53%	4.00E-38	100%	3
11213	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetotryiales	Herpotrichiellaceae	<i>Cyphellophora sp.</i>	HQ631022.1	59%	9.00E-30	100%	2
11248	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium sp.</i>	AY729066.1	100%	3.00E-158	97%	2
11287	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Acremonium psammosporum</i>	GU566287.1	100%	6.00E-136	93%	2
11288	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Phallales	Phallaceae	<i>Protuberia canescens</i>	GQ981520.1	100%	2.00E-106	88%	5
11324	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria sp.</i>	DQ322134.1	100%	7.00E-160	98%	3
11340	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Rhytismatales	Rhytismataceae	<i>Coccomyces mucronatus</i>	GU367905.1	99%	2.00E-71	82%	3
11410	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	100%	1.00E-62	81%	2
11416	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Elaphomycetaceae	<i>Monascus purpureus</i>	AY498578.1	99%	8.00E-70	82%	3
11435	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium globosum</i>	DQ485616.1	34%	2.00E-26	86%	2
11440	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Chaetomium atrobrunneum</i>	GU966500.1	95%	7.00E-56	80%	2
11455	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae sp.</i>	EF392537.1	58%	3.00E-29	100%	8
11476	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium corylophilum</i>	GU566277.1	68%	4.00E-43	100%	2
11503	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Lobulomycetales	Lobulomycetaceae	<i>Clydaea vesicula</i>	EU352773.1	55%	1.00E-53	100%	2
11509	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Trichosporon mucoides</i>	AF455482.1	100%	9.00E-169	99%	4
11529	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	NC	<i>Decriesia strelitzicola</i>	GU214635.1	100%	8.00E-130	92%	5
11628	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Trichophaea cf. hybrida</i>	DQ200834.1	50%	2.00E-51	90%	2
11681	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	AM900403.1	47%	1.00E-42	87%	3
11693	NC	NC	NC	NC	NC	Uncultured fungus	FJ197873.1	81%	9.00E-80	87%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
11705	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Dactylella oviparasitica</i>	AY970525.1	62%	4.00E-43	82%	2
11732	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita hemibapha</i>	FJ441038.1	30%	4.00E-18	100%	2
11746	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Lecanoraceae	<i>Lecanora caesiorubella</i>	AY541245.1	53%	2.00E-55	89%	4
11749	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	52%	1.00E-52	100%	2
11762	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	58%	5.00E-32	100%	5
11768	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnaporthales	Magnaporthaceae	<i>Mycocleptodiscus indicus</i>	GU980696.1	100%	1.00E-52	79%	2
11793	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	FM865607.1	93%	8.00E-100	88%	3
11803	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Volutella ciliata</i>	AJ301966.1	100%	9.00E-164	98%	2
11812	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	NC	<i>Cerrena unicolor</i>	GU067741.1	100%	2.00E-66	81%	4
11837	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Sacostroma bisetulum</i>	EU552155.1	100%	6.00E-136	93%	3
11842	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus ranarum</i>	EF392524.1	97%	3.00E-159	98%	2
11845	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	NC	<i>Rhizophydiales</i> sp.	EF634249.1	42%	4.00E-28	84%	2
11846	Bas.	Pucciniomycotina	Microbotryomycetes	Sporidiobolales	NC	<i>Sporidiobolus koalae</i>	GU291280.1	46%	3.00E-44	100%	2
11884	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	6.00E-146	95%	4
11921	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	46%	3.00E-30	100%	3
11933	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Elderia arenivaga</i>	GQ231736.1	50%	9.00E-25	100%	5
11939	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	60%	1.00E-32	97%	2
11977	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus ranarum</i>	EF392532.1	45%	5.00E-27	100%	3
12047	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps</i> sp.	HQ339880.1	100%	6.00E-146	95%	2
12053	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Geopora cooperi</i> f. <i>cooperi</i>	FR694202.1	58%	5.00E-47	85%	8
12073	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera nakhonratchasimensis</i>	AY313034.2	81%	5.00E-52	81%	3
12100	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Pleurotaceae	<i>Pleurotus tuber-regium</i>	EU424319.2	54%	7.00E-71	94%	2
12111	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AJ567735.1	85%	2.00E-71	84%	2
12115	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547545.1	56%	2.00E-31	100%	4
12147	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Hymenochaetales	Hymenochaetaeaceae	<i>Phellinus lundellii</i>	AY340058.1	53%	4.00E-68	93%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
12168	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria mellea</i>	FJ664596.1	47%	7.00E-26	81%	4
12216	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrotorquata lineata</i>	AF009807.1	100%	8.00E-90	85%	2
12241	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	Saccharomycetaceae	<i>Kodamaea ohmeri</i>	FJ810135.1	68%	2.00E-21	76%	3
12244	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504640.1	100%	4.00E-113	89%	2
12290	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	99%	5.00E-102	88%	3
12389	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	2.00E-130	92%	2
12390	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	NC	<i>Mortierellales</i> sp.	FN678837.1	100%	4.00E-128	92%	2
12456	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe aff. conica</i>	AY854074.1	100%	1.00E-118	91%	3
12474	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala</i> sp.	EU035422.1	100%	2.00E-101	88%	4
12484	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria lanuginosa</i>	AY587920.1	100%	7.00E-91	86%	3
12487	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Botrybasidiaceae	<i>Botrybasidium vagum</i>	GQ411518.1	36%	5.00E-37	100%	2
12534	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Elaphocordyceps ophioglossoides</i>	EU834213.1	100%	1.00E-137	94%	5
12563	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Schizangiella serpentis</i>	EF392539.1	47%	4.00E-28	82%	2
12577	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Phyllachorales	Phyllachoraceae	<i>Plectosphaerella cucumerina</i>	HM216207.1	100%	1.00E-98	87%	2
12729	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus haptosporus</i> var. <i>minor</i>	EF392535.1	39%	3.00E-29	86%	3
12742	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	HM211302.1	100%	2.00E-165	99%	6
12765	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Spizellomycetales	Spizellomycetaceae	<i>Spizellomyces</i> sp.	FJ827716.1	48%	3.00E-29	100%	3
12778	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium flavoviride</i> var. <i>minus</i>	HM055453.1	100%	8.00E-105	88%	2
12789	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	100%	2.00E-106	88%	2
12807	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	2.00E-95	86%	2
12849	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Otidea bufonia</i>	EU784387.1	16%	7.00E-16	98%	4
12857	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Cetrelia pseudoliveturum</i>	EU142930.1	45%	5.00E-22	81%	4
12868	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium flavoviride</i>	AY646383.1	100%	2.00E-116	90%	5

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
12909	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Peltigerales	Lobariaceae	<i>Pseudocyphellaria argyraceae</i>	EU558727.1	59%	9.00E-55	100	2
12931	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Venturiaceae	<i>Fusiocladium eucalypti</i>	HQ599600.1	23%	3.00E-30	100%	2
12932	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	100%	5.00E-62	81%	2
12944	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	100%	3.00E-143	95%	2
13001	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria zollingeri</i>	AY854071.1	100%	2.00E-50	79%	3
13012	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Verrucaria ditmarsica</i>	FJ664854.1	100%	5.00E-77	83%	3
13051	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida petrohuensis</i>	AY585213.1	56%	9.00E-55	88%	6
13249	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Ceratobasidiaceae	<i>Ceratobasidium</i> sp.	GQ175303.1	100%	6.00E-106	88%	3
13252	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Wallrothiella subiculosa</i>	AB540576.1	100%	2.00E-130	92%	2
13289	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	<i>Bionectria ochroleuca</i>	EU273558.1	100%	2.00E-165	99%	2
13299	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Archaeosporaceae	<i>Archaeospora</i> sp.	AY174709.1	55%	1.00E-32	98%	3
13363	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AJ504641.1	98%	3.00E-109	89%	5
13491	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Verticillium fungicola</i>	AB107135.1	100%	2.00E-166	99%	4
13531	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Uncultured fungus</i>	AY970004.1	87%	2.00E-87	87%	5
13548	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Phaeangium lefebvrei</i>	GQ228095.1	56%	7.00E-51	87%	2
13563	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrotorquata lineata</i>	AF009807.1	100%	1.00E-97	87%	2
13588	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora appendicula</i>	FN547533.1	58%	4.00E-33	100%	4
13635	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Phaeangium lefebvrei</i>	GQ981519.1	56%	2.00E-46	86%	3
13657	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera nakhonratchasimensis</i>	AY313034.2	92%	8.00E-85	85%	2
13663	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035406.1	100%	1.00E-112	89%	2
13665	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Papiliotrema bandonii</i>	GU327539.1	100%	2.00E-105	88%	2
13676	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	48%	4.00E-43	87%	2
13677	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium verrucosum</i>	AB479317.1	100%	1.00E-152	96%	6
13724	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus intraradices</i>	AM980837.1	98%	2.00E-101	88%	2
13749	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium dimorphosporum</i>	AB278185.1	100%	2.00E-95	86%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

196

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
13804	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Trichocladium asperum</i>	HQ115689.1	100%	6.00E-91	86%	2
13906	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	4.00E-28	100%	2
13963	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospira</i>	EU035405.1	100%	3.00E-124	91%	3
14039	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Cephalothecaceae	<i>Cephalotheca foveolata</i>	AB278171.1	100%	3.00E-79	83%	2
14052	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Diatrypaceae	<i>Phaeoisaria clematidis</i>	EU552148.1	100%	4.00E-78	83%	2
14076	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Monacrosporium parvicolle</i>	AY695069.1	100%	3.00E-44	77%	2
14100	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium cinctum</i>	DQ135998.1	100%	1.00E-117	90%	2
14174	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Dioszegia</i> sp.	AY313036.1	54%	7.00E-31	100%	3
14186	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	57%	9.00E-30	95%	2
14197	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Dictyonemataceae	<i>Dictyonema minus</i>	EU825968.1	40%	3.00E-34	98%	2
14255	Lbf.	NC	NC	NC	NC	<i>Zygomycete</i> sp.	EF152531.1	53%	3.00E-54	100%	3
14302	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Thelephorales	Thelephoraceae	<i>Tomentella ellisii</i>	HQ406823.1	100%	8.00E-120	91%	2
14337	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia graminis</i>	GU598103.1	51%	3.00E-19	97%	2
14364	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Scedosporium aurantiacum</i>	EF639869.1	100%	6.00E-131	93%	2
14393	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Cantharellales	Tulasnellaceae	<i>Epulorhiza</i> sp.	GU166424.1	100%	6.00E-116	90%	2
14461	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Chaetosphaeria raciborskii</i>	AY906950.1	86%	8.00E-145	99%	2
14500	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	2
14510	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	NC	<i>Mortierellales</i> sp.	FN678837.1	100%	5.00E-77	83%	2
14526	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Pucciniales	Pucciniaceae	<i>Puccinia brachypodii</i>	GQ457303.1	50%	2.00E-21	97%	2
14534	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	59%	1.00E-32	100%	2
14614	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	1.00E-92	86%	2
14689	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Phlogicylindrium eucalyptorum</i>	EU040223.1	99%	1.00E-117	90%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST
(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
14700	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Leptodontidium elatius</i>	GU934588.1	100%	1.00E-153	96%	4
14724	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	NC	NC	<i>Cryptococcus</i> sp.	HQ631024.1	51%	7.00E-46	100%	2
14736	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera melastomae</i>	AB118872.1	91%	1.00E-28	76%	2
14752	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Sacosmataceae	<i>Umula helvelloides</i>	AF485077.1	48%	5.00E-42	87%	3
14775	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Trichophaea hybrida</i>	FM206477.1	49%	7.00E-51	89%	3
14898	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria antarctica</i>	FN185932.1	100%	2.00E-86	85%	2
14915	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Clavicipitaceae	<i>Metarhizium flavoviride</i>	AY646383.1	100%	8.00E-110	89%	4
14943	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Strophariaceae	<i>Psilocybe fasciata</i>	DQ001401.1	95%	4.00E-113	90%	3
14961	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Scedosporium apiospermum</i>	FJ345358.1	18%	2.00E-17	95%	2
14976	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	NC	<i>Mortierellales</i> sp.	FN678837.1	100%	8.00E-85	84%	2
14977	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Neofabraea malicorticis</i>	AF141189.1	100%	2.00E-116	90%	3
15034	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trichaptum fusco-violaceum</i>	U63478.1	67%	1.00E-73	100%	3
15053	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Discostroma tricellulare</i>	AF377285.1	100%	2.00E-101	87%	2
15059	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Trechisporales	NC	<i>Trechispora alnicola</i>	DQ411529.1	100%	2.00E-61	80%	5
15084	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174689.1	100%	1.00E-103	88%	2
15098	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Polyporales	Lentinaceae	<i>Lentinus tigrinus</i>	AF516518.1	100%	2.00E-145	95%	2
15123	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	8.00E-90	85%	2
15148	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus ranarum</i>	EF392532.1	48%	9.00E-30	100%	2
15183	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Hyloriaceae	<i>Tremellodendropsis tuberosa</i>	GQ981528.1	72%	5.00E-47	97%	4
15207	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU625994.1	95%	4.00E-53	80%	3
15237	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU625994.1	95%	4.00E-53	80%	2
15257	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Cadophora finlandica</i>	AB543058.1	100%	2.00E-111	89%	3
15281	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Vertexicola confusa</i>	AF177151.1	100%	4.00E-93	86%	2
15301	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547546.1	49%	3.00E-25	100%	3
15305	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oididendron truncatum</i>	GU062231.1	100%	1.00E-97	87%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
15349	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Cateractispora recepticuli</i>	AF177153.1	99%	3.00E-74	83%	2
15365	Asc.	Taphrinomycotina	NC	Archaeorhizomycetales	Archaeorhizomycetaceae	<i>Archaeorhizomyces finlayi</i>	JF836021.1	50%	1.00E-58	92%	2
15379	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella</i> sp.	EF031110.1	100%	4.00E-167	99%	2
15403	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	61%	2.00E-30	100%	4
15406	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Canalisporium pulchrum</i>	GQ390291.1	78%	9.00E-45	92%	2
15432	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida</i> sp.	DQ911452.1	55%	9.00E-50	87%	3
15453	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Auriculariaceae	<i>Auricularia auricularia-judae</i>	HQ388376.1	62%	1.00E-22	100%	2
15503	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Magnoporthales	Magnaporthaceae	<i>Phialophora reptans</i>	AB190380.1	43%	9.00E-25	82%	4
15524	Bas.	Pucciniomycotina	Pucciniomycetes	Septobasidiales	Septobasidiaceae	<i>Septobasidium</i> sp.	HQ267956.1	58%	1.00E-48	100%	2
15794	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanorales	Physciaceae	<i>Phaeophyscia pussilloides</i>	GU247170.1	40%	1.00E-37	89%	2
15803	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida rugosa</i>	GU246265.1	75%	9.00E-20	76%	3
15895	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	8.00E-95	86%	2
15905	Glo.	NC	Glomeromycetes	Paraglomerales	Paraglomeraceae	<i>Paraglomus</i> sp.	AM905253.1	13%	6.00E-12	100%	2
15926	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora chaetospora</i>	EU035405.1	100%	3.00E-143	95%	3
15945	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	NC	<i>Leohumicola minima</i>	AY706329.1	100%	7.00E-160	98%	2
15962	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida valdiviana</i>	HM461646.1	47%	7.00E-46	88%	3
16047	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Lyophyllaceae	<i>Hypsizgus marmoreus</i>	FJ609266.1	67%	2.00E-75	100%	3
16048	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria falcata</i>	GU234148.1	51%	4.00E-43	99%	2
16062	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Dexomyces hainanensis</i>	EU517068.1	45%	4.00E-38	97%	2
16077	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Bolbitiaceae	<i>Conocybe apala</i>	FJ481031.1	40%	2.00E-31	98%	2
16105	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera</i> sp.	HQ631046.1	50%	2.00E-46	100%	2
16125	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Ascotaiwania sawada</i>	AF177148.1	60%	9.00E-55	100%	2
16186	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	2.00E-131	93%	2
16243	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	NC	<i>Glomus irregulare</i>	FJ009614.1	99%	5.00E-97	87%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
16295	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	DQ983814.1	100%	4.00E-118	90%	2
16303	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Symbiotaphrina kochii</i>	DQ248314.1	61%	2.00E-61	98%	2
16311	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Penicillium daleae</i>	DQ132832.1	99%	2.00E-145	95%	4
16319	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	NC	<i>Bullera</i> sp.	AY313025.1	100%	2.00E-165	99%	2
16337	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Exophiala dermatitidis</i>	DQ911441.1	53%	3.00E-49	87%	2
16393	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Clavaria falcata</i>	GU234148.1	46%	1.00E-43	100%	2
16438	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Davidiellaceae	<i>Cladosporium langeronii</i>	HQ115727.1	100%	4.00E-152	96%	2
16447	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Sordariomycete</i> sp.	EF694650.1	100%	5.00E-107	89%	3
16459	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Arthrobotrys foliicola</i>	U51954.1	99%	5.00E-147	95%	3
16515	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU625998.1	99%	7.00E-56	80%	3
16754	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Agyriales	Agyriaceae	<i>Sarea resiniae</i>	FJ903329.1	100%	6.00E-86	85%	2
16786	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Agaricaceae	<i>Leucoagaricus ophthalmus</i>	EU141956.1	78%	2.00E-36	78%	5
16826	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Dendroclathra lignicola</i>	EU873530.1	100%	4.00E-83	84%	4
16923	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	<i>Emericella omanensis</i>	AB249005.1	100%	3.00E-104	88%	2
17051	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Tuberaceae	<i>Tuber spinoreticulatum</i>	GQ221454.1	38%	9.00E-30	86%	2
17061	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	6.00E-86	85%	3
17066	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ochroconis constricta</i>	DQ307326.1	80%	2.00E-60	83%	2
17090	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Phialemonium diamorphosporum</i>	FJ441661.1	100%	4.00E-83	84%	5
17127	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Pleosporales	NC	<i>Pleosporales</i> sp.	HM116750.1	95%	6.00E-151	97%	4
17255	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Pezizales</i> sp.	AJ969619.1	48%	5.00E-27	94%	2
17290	NC	NC	NC	NC	NC	<i>Fungal</i> sp.	FJ612798.1	100%	1.00E-117	90%	3
17306	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	Eremomycetaceae	<i>Arthrographis alba</i>	AB213450.1	35%	3.00E-29	100%	2
17368	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Agyriales	Agyriaceae	<i>Sarea diffomis</i>	FJ903295.1	100%	1.00E-72	82%	3
17423	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida blankii</i>	HM564395.1	44%	3.00E-45	90%	3
17550	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	DQ195785.1	39%	5.00E-47	93%	3

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	N° de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
17557	Bas.	Pucciniomycotina	Cystobasidiomycetes	Erythrobasidiales	Erythrobasidiaceae	<i>Rhodotorula lamelliibrachiae</i>	AB263122.1	100%	2.00E-126	91%	3
17588	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	100%	1.00E-68	82%	3
17618	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Tremellodendron pallidum</i>	EU819445.1	55%	3.00E-49	100%	2
17624	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Scedosporium apiospermum</i>	FJ345358.1	18%	2.00E-17	95%	2
17783	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Lasiosphaeria glabrata</i>	AY587915.1	99%	8.00E-100	87%	2
17789	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Hygrophoraceae	<i>Hygrocybe reidii</i>	EU784347.1	50%	3.00E-29	97%	3
17844	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Auriculariaceae	<i>Auricularia auricularia-judae</i>	HQ398236.1	38%	4.00E-33	88%	2
18016	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Helotiales</i> sp.	FJ196296.1	95%	4.00E-138	95%	3
18144	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Tremellales	Tremellaceae	<i>Tremella fuciformis</i>	FJ501580.1	58%	5.00E-47	97%	3
18146	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Diaporthales	Valsaceae	<i>Phomopsis</i> sp.	HM595506.1	100%	1.00E-157	97%	2
18156	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida petrohuensis</i>	AY585213.1	39%	5.00E-42	91%	2
18173	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Teloschistales	Teloschistaceae	<i>Caloplaca variabilis</i>	EF090926.1	38%	6.00E-37	90%	2
18174	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Helotiaceae	<i>Claussenomyces</i> sp.	HQ533008.1	100%	5.00E-122	91%	2
18182	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Cladophialophora minutissima</i>	EF016384.1	100%	2.00E-80	84%	3
18307	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Agaricaceae	<i>Leucoagaricus marriagei</i>	GQ329049.1	45%	9.00E-35	86%	2
18326	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Lecanolaes	Lecanoraceae	<i>Micarea flagellisporea</i>	AY756477.1	49%	3.00E-39	85%	3
18492	Glo.	NC	Glomeromycetes	Archaeosporales	Ambisporaceae	<i>Ambispora fennica</i>	FN547546.1	51%	4.00E-33	98%	2
18525	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Fonsecaea monophora</i>	EU285269.1	75%	5.00E-62	98%	2
18598	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	NC	<i>Umbelopsis isabellina</i>	GU062258.1	100%	6.00E-151	96%	2
18716	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pezizaceae	<i>Peziza varia</i>	FN868472.1	42%	2.00E-21	100%	2
18781	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Lactarius aff. gerardii</i>	GU258248.1	48%	3.00E-39	100%	2
18853	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium roridum</i>	GU074399.1	100%	5.00E-112	89%	2
18945	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Scytalidium ligniola</i>	GU062260.1	100%	3.00E-114	90%	2
19089	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Thozetella</i> sp.	GU973799.1	93%	1.00E-113	91%	2
19137	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita oleosa</i>	GQ925398.1	48%	4.00E-23	90%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
19147	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Entolomataceae	<i>Clitopilus prunulus</i>	EU273512.1	99%	3.00E-139	94%	2
19298	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	NC	NC	<i>Epicoecum nigrum</i>	FJ424262.1	99%	1.00E-98	86%	2
19395	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	NC	Myxotrichaceae	<i>Oidiodendron maius</i>	EU888920.1	100%	5.00E-127	92%	2
19408	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Cortinarius biformis</i>	AY669688.1	99%	2.00E-61	81%	2
19422	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Humicola fuscoatra</i>	GU966514.1	95%	4.00E-143	96%	2
19434	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Myrothecium cinctum</i>	AJ302004.1	99%	5.00E-127	92%	2
19447	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	HM449696.1	37%	5.00E-27	86%	2
19479	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Auriculariales	Hyaloriaceae	<i>Bourdolia</i> sp.	DQ200925.1	62%	3.00E-64	88%	2
19542	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Rhodoveronaea varioseptata</i>	EU041813.1	100%	8.00E-95	87%	2
19618	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetophariaceae	<i>Codinaeopsis</i> sp.	EF488392.1	98%	3.00E-109	89%	2
19757	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal sp.	FJ612982.1	100%	4.00E-123	91%	2
19772	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Russulales	Russulaceae	<i>Russula mariae</i>	EU819426.1	40%	2.00E-36	100%	2
19990	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174693.1	100%	8.00E-105	88%	2
20045	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Cephalothecaceae	<i>Cephalotheca sulfurea</i>	AB278194.1	100%	4.00E-63	80%	2
20099	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	<i>Trichophaea woolhopeia</i>	GU174764.1	49%	2.00E-45	88%	2
20122	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Clavariaceae	<i>Mucronella</i> sp.	HQ533013.1	100%	9.00E-45	78%	2
20146	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	DQ485617.1	100%	1.00E-47	78%	2
20170	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	<i>Ophiocordyceps nutans</i>	AB544491.1	48%	2.00E-31	83%	2
20197	Asc.	Pezizomycotina	Orbiliomycetes	Orbiliales	Orbiliaceae	<i>Vermispora</i> sp.	DQ494376.1	68%	7.00E-41	81%	2
20303	Bas.	Agaricomycotina	Tremellomycetes	Filobasidiales	NC	<i>Cryptococcus saitoi</i>	DQ402537.1	98%	6.00E-166	99%	2
20339	Asc.	NC	NC	NC	NC	<i>Ascomycota</i> sp.	GU062323.1	100%	1.00E-128	92%	2
20387	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Chaetomium</i> sp.	EU750692.1	100%	1.00E-142	94%	2
20531	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Graphium basitruncatum</i>	EF165016.1	100%	4.00E-147	96%	2
20560	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Satchmopsis brasiliensis</i>	EF113978.1	100%	4.00E-113	89%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
20769	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina calcea</i>	AJ427408.1	100%	1.00E-88	85%	2
20772	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Pestalotiopsis</i> sp.	EU089663.1	100%	6.00E-126	92%	2
20776	Asc.	Saccharomycotina	Saccharomycetes	Saccharomycetales	NC	<i>Candida lignohabitans</i>	HM208611.1	97%	3.00E-104	88%	2
21117	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Camarophyllus impurus</i>	GU233327.1	51%	5.00E-47	100%	2
21251	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichomaceae	<i>Penicillium</i> sp.	FJ430753.1	98%	4.00E-38	77%	2
21348	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	100%	3.00E-158	97%	2
21363	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Xylariales	Amphisphaeriaceae	<i>Atrorquata lineata</i>	AF009807.1	100%	5.00E-92	85%	3
21397	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Amanitaceae	<i>Amanita hemibapha</i> subsp. <i>Javanica</i>	AB458887.1	40%	2.00E-26	97%	2
21403	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Sordariomycete</i> sp.	EF694650.1	100%	2.00E-116	90%	2
21407	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	Mycosphaerellaceae	<i>Mycosphaerellaceae</i> sp.	GU017512.1	99%	2.00E-100	87%	2
21421	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	43%	4.00E-23	100%	2
21451	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Agaricales	Agaricaceae	<i>Leucoagaricus gaillardii</i>	GQ329064.1	97%	9.00E-50	79%	2
21614	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus claroideum</i>	GQ388713.1	56%	9.00E-45	94%	2
21764	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	50%	1.00E-33	100%	2
21863	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	EU626000.1	80%	5.00E-47	92%	2
22053	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Acremonium alcalophilum</i>	AB540579.1	47%	9.00E-45	88%	2
22104	Lbf.	Mucoromycotina	NC	Mucorales	Mucoraceae	<i>Mucor amphibiorum</i>	HM449696.1	35%	2.00E-31	88%	2
22146	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Entomophthoraceae	<i>Entomophthoraceae</i> sp.	EF392537.1	34%	1.00E-18	100%	2
22195	Lbf.	Kickxellomycotina	NC	Harpellales	Legeriomycetaceae	<i>Smittium culisetae</i>	AY997089.1	45%	3.00E-24	82%	2
22213	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	Pyrenomataceae	<i>Picoa juniperi</i>	GU391564.1	52%	1.00E-52	89%	3
22337	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Chaetosphaeriales	Chaetosphaeriaceae	<i>Phialophora phaeophora</i>	AF083191.1	100%	5.00E-92	85%	3
22350	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Verticillium tenerum</i>	GQ131880.1	48%	9.00E-40	86%	3
22508	Lbf.	Entomophthoromycotina	NC	Entomophthorales	Basidiobolaceae	<i>Basidiobolus magnus</i>	EF392534.1	44%	5.00E-22	97%	2
22567	Asc.	Pezizomycotina	Pezizomycetes	Pezizales	NC	<i>Phiala strobilina</i>	EF596821.1	99%	8.00E-100	87%	3
22809	Asc.	Pezizomycotina	Dothideomycetes	Capnodiales	NC	<i>Readeriella guyanensis</i>	EU707900.1	100%	1.00E-167	99%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido

Anexo A - Hits de maior similaridade com as UTOs de fungos dos solos amostrados, segundo buscas no BLAST

(continuação)

UTO	Filo	Subfilo	Divisão	Ordem	Família	Espécie	Nº de acesso	Cobertura	E-value	Identidade	Contagem
22840	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Sordariales	Annulatascaceae	<i>Ascobrunneispora aquatica</i>	AF177154.1	100%	1.00E-92	86%	2
22933	Asc.	Pezizomycotina	Eurotiomycetes	Verrucariales	Verrucariaceae	<i>Thelidium submethorium</i>	EU249476.1	37%	1.00E-33	89%	2
22964	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Umbilicariales	Umbilicariaceae	<i>Umbilicaria grisea</i>	HM161500.1	100%	5.00E-57	80%	2
23006	NC	NC	NC	NC	NC	Fungal endophyte	EU686117.1	100%	1.00E-143	95%	2
23248	Chy.	NC	Chytridiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophydium</i> sp.	DQ485639.1	55%	3.00E-64	91%	2
23536	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	Dermateaceae	<i>Mollisia dextrinospora</i>	HM116746.1	100%	2.00E-160	98%	2
23623	Asc.	Pezizomycotina	Lecanoromycetes	Agyriales	Agyriaceae	<i>Sarea difformis</i>	FJ903295.1	100%	1.00E-83	84%	2
23630	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	NC	NC	<i>Sordariomycete</i> sp.	EU680529.1	100%	6.00E-156	97%	4
23712	Bas.	Agaricomycotina	Agaricomycetes	Sebacinales	Sebacinaceae	<i>Sebacina vermifera</i>	DQ983814.1	100%	5.00E-132	93%	3
23868	Asc.	Pezizomycotina	Leotiomycetes	Helotiales	NC	<i>Phialocephala fortinii</i>	EU882733.1	100%	3.00E-104	87%	2
24525	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus claroideum</i>	AJ567745.1	55%	4.00E-53	98%	3
24707	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Ophiostomatales	Ophiostomataceae	<i>Phialocephala fusca</i>	AF486122.1	100%	5.00E-97	87%	2
24951	Glo.	NC	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	<i>Glomus</i> sp.	AY174693.1	99%	2.00E-116	90%	2
26364	Asc.	Pezizomycotina	Sordariomycetes	Hypocreales	NC	<i>Fusarium larvarum</i>	FN868469.1	100%	2.00E-80	84%	2

Asc.=Ascomycota; Bas.=Basidiomycota; Chy.=Chytridiomycota; Glo.= Glomeromycota; Lbf.=Linhagem basal de fungos; NC= Não conhecido