

MICROBIOMA FÚNGICO RESISTENTE AO GLIFOSATO EM SOLOS NA CIDADE DE UMUARAMA, PARANÁ, BRASIL

GLYPHOSATE-RESISTANT FUNGAL MICROBIOME IN SOILS IN THE CITY OF UMUARAMA, PARANÁ, BRAZIL

Ângela Simplício dos Santos Sousa¹ 

Kassiely Zamarchi² 

Fernanda Aparecida Pires Fazion³ 

Resumo: O microbioma do solo é composto principalmente por espécies de bactérias e fungos. Esses microrganismos desempenham funções essenciais para a manutenção e equilíbrio desse ambiente, como a ciclagem de nutrientes, auxílio na sua absorção e estocagem de carbono pelas plantas, biorremediação, biocontrole, entre outras. Atualmente, o Brasil destaca-se no cenário mundial em produção agrícola. Isso acarreta a utilização de agrotóxicos no solo, principalmente o glifosato, um pesticida de largo espectro. Portanto, o objetivo deste trabalho é verificar a influência do glifosato na diversidade e abundância dos fungos resistentes ao glifosato presentes no microbioma de solos na região de Umuarama, Brasil. Para tanto, foram coletados solos de dois locais: uma horta orgânica, sem a aplicação de glifosato, e outra com aplicação regular do pesticida. No laboratório de Biologia do Instituto Federal do Paraná - Campus Umuarama, as amostras de solo foram pesadas, homogeneizadas em solução salina e as diluições seriadas (até 10^{-3}) foram plaqueadas em meio ágar Sabouraud contendo 300 ppm de glifosato e antibióticos. Após o crescimento, as colônias foram contadas e repicadas. Depois, foi realizada cultura monospórica e microcultivo para identificação dos gêneros de fungos por meio de microscopia óptica. Os resultados mostraram maior frequência de colônias leveduriformes em solos com aplicação de glifosato e maior frequência de colônias do gênero *Penicillium* em solos sem a aplicação do herbicida. Observando os resultados, percebe-se que a aplicação regular de glifosato altera a constituição do microbioma fúngico, resistente a este pesticida, do solo. É

¹ Acadêmica, Instituto Federal do Paraná (IFPR-Umuarama), Umuarama, PR - Brasil. E-mail: angelasousa765@gmail.com

² Mestra em Microbiologia, Parasitologia e Patologia (UFPR-Curitiba), Bacharela em Ciências Biológicas (UNESPAR-Paranaguá). Técnica no Instituto Federal do Paraná (IFPR), Umuarama, PR - Brasil. E-mail: kassiely.zamarchi@ifpr.edu.br

³ Doutora em Genética e Biologia Molecular (UEL-Londrina), Mestra em Genética e Biologia Molecular (UEL-Londrina), Bacharela e Licenciada em Ciências Biológicas (UEL-Londrina). Professora no Instituto Federal do Paraná (IFPR), Umuarama, PR - Brasil. E-mail: fernanda.fazion@ifpr.edu.br

importante que outros estudos sejam realizados para uma melhor compreensão dessas alterações, que poderiam ser um alerta para a alta utilização de pesticidas que ocorre no Brasil.

Palavras-chave: Análise microbiológica. Diversidade fúngica. Isolamento. Pesticida.

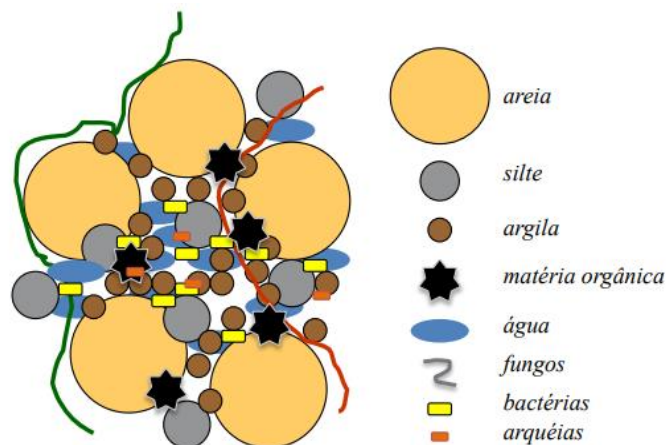
Abstract: The soil microbiome is primarily composed of bacterial and fungal species. These microorganisms perform essential functions for the maintenance and balance of this environment, such as nutrient cycling, aiding in their absorption, carbon storage by plants, bioremediation, biocontrol, among others. Currently, Brazil stands out on the global stage in agricultural production. This leads to the use of pesticides in the soil, mainly glyphosate, a broad-spectrum pesticide. Therefore, the objective of this study is to verify the influence of glyphosate on the diversity and abundance of glyphosate-resistant fungi present in the soil microbiome in the Umuarama region, Brazil. For this purpose, soils were collected from two locations: an organic garden, without glyphosate application, and another with regular application of the pesticide. At the Biology Laboratory of the Federal Institute of Paraná - Umuarama Campus, the soil samples were weighed, homogenized in saline solution, and the serial dilutions (up to 10^{-3}) were plated on Sabouraud agar medium containing 300 ppm of glyphosate and antibiotics. After growth, the colonies were counted and subcultured. Subsequently, monosporic culture and microculture were performed to identify the genera of fungi using optical microscopy. The results showed a higher frequency of yeast-like colonies in soils with glyphosate application and a higher frequency of *Penicillium* colonies in soils without the herbicide application. Observing the results, regular application of glyphosate alters the composition of the glyphosate-resistant fungal microbiome in the soil. It is important that further studies be conducted for a better understanding of these alterations, which could serve as a warning for the high use of pesticides that occurs in Brazil.

Keywords: Microbiological analysis. Fungal diversity. Isolation. Pesticide.

1 INTRODUÇÃO

Os microrganismos estão presentes nos mais diversos ambientes em nosso planeta, incluindo solo, água, ar e ambientes extremos como vulcões, água congelada e águas com excesso de salinidade (Madigan *et al.*, 2016). Entre esses ambientes, destaca-se a diversidade encontrada nos solos, devido a sua heterogeneidade de composições e substratos. O solo é composto por diferentes proporções de areia, argila e silte, formando agregados que fornecem um suporte físico para a aderência microbiana (Duchiela *et al.*, 2013). As diferentes composições e condições de aeração e disponibilidade de nutrientes permitem que milhares de microrganismos, com diferentes habilidades metabólicas, coexistam nesse ambiente. Desta forma, os microrganismos fazem parte da definição de solo (Figura 1) (Dabert; Delgen, 2002; Lambais *et al.*, 2005).

Figura 1 – Esquema da estrutura, composição e organização do solo.



Fonte: Cotta, 2016.

Estima-se que um grama de solo possa abrigar até 10 bilhões de microrganismos de, possivelmente, milhares de espécies diferentes (Torsvik *et al.*, 1990; Rosselló-Mora; Amann, 2001). A biomassa microbiana é constituída principalmente, por 90%, de bactérias/arqueias e fungos (Andreola; Fernandes, 2007) e, apesar da grande quantidade e diversidade, apenas 15 a 30% das bactérias e 10% dos fungos se encontram em sua forma ativa (Mattos *et al.*, 2001). Fungos são microrganismos eucarióticos amplamente distribuídos no ambiente. Em apenas um grama de solo da superfície podemos encontrar 200

metros de hifas (Leake *et al.*, 2004). Dependendo de diversos fatores físicos e químicos do ambiente e das características de cada espécie, os fungos presentes no solo podem interagir com plantas como patógenos, simbiotes e decompositores.

O microbioma do solo é fundamental para o funcionamento e resiliência do ecossistema (Jansson; Hofmockel, 2020) e pode ser influenciado por diversos fatores, como a umidade, temperatura, pH, composição e características do solo e disponibilidade de matéria orgânica, entre outros (Rousk, Brookes, Bååth, 2009; Manzoni *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2019). Os microrganismos possuem diversas funções no solo, conhecidos como “serviços ambientais” ou “serviços do solo”. Entre elas, está a degradação de materiais orgânicos, contribuindo para a ciclagem de nutrientes (Giller, 1996; Miransari, 2013), fixação biológica do nitrogênio (Raymond *et al.*, 2004) e o auxílio da absorção de nutrientes pelas plantas (Miransari, 2013; Chagnon *et al.*, 2013). Além disso, os microrganismos contribuem para a proteção de plantas contra doenças e pragas, fornecimento de hormônios vegetais e para a transferência de nutrientes do solo para as raízes das plantas, processos de biorremediação e biocontrole, entre outros (Kloepper; Schroth, 1978; Adesemoye; Kloepper, 2009). É importante destacar a correlação da microbiota do solo com a crise climática que o planeta enfrenta atualmente. Tem sido observado que a elevada quantidade de carbono estocado em solos com alta diversidade de plantas é mediada diretamente pelos processos microbiológicos no solo (Lange *et al.*, 2015).

Segundo a FAO (Food and Agriculture Organization), no ano de 2020, a área utilizada para a agricultura e pecuária correspondeu a aproximadamente 5 bilhões de hectares, ou seja, 38% da superfície terrestre global (FAO, 2023). A cada ano, o aumento da produtividade agrícola é alcançado principalmente pela utilização de agrotóxicos/pesticidas e fertilizantes sintéticos (Kopittke *et al.*, 2019; Oerke, 2006). Essas substâncias podem afetar o microbioma do solo e prejudicar as importantes funções desses microrganismos. O glifosato (N-(fosfometil) glicina, $C_3H_8NO_5P$) é um herbicida sistêmico, não seletivo e utilizado em pós-emergência das plantas daninhas. Esse pesticida é utilizado como ingrediente ativo em mais de 750 herbicidas de largo espectro no mundo (Baylis, 2000). O glifosato atua inibindo a via do chiquimato, importante para a produção de

aminoácidos aromáticos em plantas, bactérias e fungos. Os metazoários não possuem essa via e obtêm esses aminoácidos da dieta, portanto não são afetados pela toxicidade aguda do glifosato (Marbois *et al.*, 2010).

Apesar de estudos relatarem que o glifosato aumenta, temporariamente, a atividade microbiana no solo devido à utilização deste composto como fonte de carbono (Kremer; Means, 2009; Zabaloy *et al.*, 2012), vários outros estudos demonstram seus efeitos nocivos a essa comunidade. Vásquez e colaboradores (2021) observaram que aplicações de altas doses de glifosato antes e durante o cultivo ocasionam um efeito negativo na biomassa fúngica do solo. Além disso, os pesquisadores perceberam que após a aplicação de doses duplas ou de longos períodos de exposição ao glifosato, ocorreu uma redução na riqueza de espécies de fungos cultiváveis e mudanças na estrutura molecular das comunidades fúngicas do solo. Experimentos *in vitro* indicaram um efeito inibitório no crescimento de micélios de fungos mais comuns na microbiota do solo. Populações dos gêneros *Trichoderma* sp., *Gliocladium* sp., *Fusarium* sp. e *Pythium* sp. variaram com as concentrações de glifosato e resíduos das plantações anteriores (milho, amendoim) (Meriles *et al.*, 2006). Outros estudos verificaram que o glifosato teve um efeito negativo na contagem microbiana e atividade do solo. Al-Ani e colaboradores (2019) observaram que, na primeira semana de incubação, a adição de glifosato (48%) na concentração 200 ppm diminuiu a contagem fúngica em 20%, além de diminuir a produção de CO₂ em 18%. Tanney e Hutchison (2010) destacaram que a adição de glifosato diminuiu o crescimento de 21 espécies das 22 analisadas.

Devido à importância do microbioma na manutenção e funcionalidade do solo e à influência dos pesticidas nesse ambiente, é importante a realização de estudos para melhorar a compreensão desses locais com vida microscópica tão diversa. Portanto, o objetivo deste trabalho é verificar a diversidade fúngica (abundância e riqueza de espécies) resistente ao glifosato em solos na cidade de Umuarama, localizada no Paraná, Brasil.

2 METODOLOGIA

2.1 Coleta e armazenamento do solo

As amostras de solo foram coletadas em duas áreas: uma horta orgânica (plantio de couve-flor e alface), na qual nenhum tipo de agrotóxico nunca foi aplicado, e uma área particular (sem plantio), na qual é aplicado glifosato para o controle de pragas há seis meses, ambas na cidade de Umuarama, PR. As amostras foram coletadas de 0 a 10 cm de profundidade, com uma espátula esterilizada e acondicionadas em tubos para centrífuga. Depois, foram transportadas ao Laboratório de Biologia do Instituto Federal do Paraná, onde ocorreu a análise da diversidade de microrganismos resistentes ao glifosato. Ambos os solos foram classificados como Arenito Caiuá, Latossolo vermelho – escuro, Podzólico, Vermelho – Amarelo e Argissolo (Bhering *et al.*, 2007).

2.2 Isolamento e manutenção dos microrganismos

2.2.1 Preparo das amostras

Após as coletas, um grama de cada amostra, solo sem glifosato (SG) e com glifosato (CG), foram pesadas e homogeneizadas em 10 mL de solução salina. Foram realizadas diluições seriadas em solução salina até 10^{-3} . Após a homogeneização, 100 uL de cada diluição foram plaqueados (*spread plate*) em meio ágar Sabouraud contendo 300 ppm de glifosato. Desta forma, as colônias fúngicas resistentes ao agrotóxico foram selecionadas nos dois ambientes. Além disso, as placas continham dois antibióticos, tetraciclina (100 µg/mL) e rifampicina (50 µg/mL), para evitar o crescimento de bactérias. As placas foram incubadas a 28°C, durante sete dias. Após esse período, foi observado e fotografado o aparecimento de colônias fúngicas.

2.2.2 Repicagem e cultura monospórica

Após o aparecimento de colônias fúngicas, estas foram contadas e enumeradas em cada diluição. As colônias que se apresentaram macroscopicamente diferentes foram repicadas isoladamente, em um tubo de ensaio. Após sete dias de incubação, foi realizada a técnica de cultura monospórica. Para tanto, uma parte do micélio foi colocada em um microtubo

contendo 900 uL de solução salina e levemente macerado para promover a liberação dos esporos. Depois, uma pequena amostra do tubo foi observada na câmara de Neubauer para confirmar a presença de esporos. Quando não era possível a observação dos esporos, a placa foi incubada novamente por um período mais longo na estufa a 28°C. Caso fossem observados esporos, era realizada uma diluição em solução salina até 10^{-3} . Posteriormente, 100uL da última diluição (10^{-3}) foi plaqueada e incubada a 28°C, durante 24h. Quando não havia crescimento, a diluição 10^{-2} era plaqueada, e assim sucessivamente, até o crescimento de colônias. Após o crescimento, a colônia foi repicada no centro de uma placa de Petri contendo ágar Sabouraud e antibióticos, tetraciclina (100 µg/mL) e rifampicina (50 µg/mL). As placas foram incubadas a 28°C durante sete dias na estufa e, após esse período, as colônias foram registradas por meio de fotografia.

2.2.3 Microcultivo

O microcultivo foi realizado a fim de obter a estrutura de reprodução fúngica, permitindo a identificação do gênero (Riddell, 1950). Primeiramente, placas de Petri foram autoclavadas contendo duas lâminas cada, posicionadas perpendicularmente, e um pedaço de algodão. Concomitantemente, foram vertidas placas de Petri contendo meio de cultura ágar Sabouraud até 80-85% de sua capacidade. Após a solidificação, o meio foi cortado em pequenos cubos com uma espátula esterilizada. Um cubo de meio de cultura foi posicionado em cada extremidade das duas lâminas que estavam dentro das placas contendo algodão. Após a montagem da placa, o algodão foi embebido em água destilada autoclavada. Posteriormente, as placas foram abertas no fluxo laminar com a luz UV por 20 minutos. Os quatro cubos de meio de cultura foram inoculados com um pedaço de micélio retirado da cultura monospórica. Cada cubo foi coberto com uma lamínula esterilizada em álcool absoluto e fogo. As placas foram incubadas a 28°C por até um mês, retirando-se uma lamínula a cada sete dias.

2.2.4 Identificação microscópica dos microrganismos

Após o crescimento fúngico nos cubos de meio de cultura, cada lamínula foi retirada com uma pinça, colocada em uma lâmina e corada com azul de

metileno. As lâminas foram visualizadas em microscópio óptico para a identificação dos gêneros fúngicos isolados das amostras de solo (Germain e Summerbell, 1996).

2.2.5 Análise de dados

Foi calculado o número de Unidades Formadoras de Colônias (UFC/g de solo) de ambas as amostras analisadas. Para tanto, o número de colônias na placa foi multiplicado pelo fator de diluição dividido pelo volume do inóculo. Além disso, foi calculada a Frequência relativa (Fr) de cada taxa isolado pela fórmula: $FR=(FA/Ft) \times 100$, em que FA= Frequência absoluta e Ft= Frequência total (Mueller-Dombois e Ellenberg, 1925). Por fim, para facilitar a comparação entre os dois locais calculou-se o índice de Menhinick (D_{Mn}), que fornece uma indicação da diversidade de espécies relativas ao número total de indivíduos em diferentes amostras (Menhinick, 1964). Este índice foi calculado utilizando a fórmula $D_{Mn}=S/\sqrt{N}$, onde S é o número de espécies diferentes observadas em uma amostra e N é o número total de indivíduos contados na mesma amostra.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os microrganismos desempenham papel fundamental na ciclagem de nutrientes, estabilização da matéria orgânica do solo e sucessão ecológica, por meio de relações de antagonismo e/ou sinergismo (Kennedy, 1999; Pereira *et al.*, 1999; Madigan *et al.*, 2016, 645). Neste presente estudo, a contagem de UFC/g de solo, de fungos resistentes ao glifosato, resultou em $7,6 \times 10^3$ UFC/g no solo sem glifosato (SG) e em $4,9 \times 10^4$ UFC/g no solo com glifosato (CG). Isso pode ocorrer devido à pressão de seleção que proporciona um aumento do número de microrganismos resistentes, que provavelmente utilizam a molécula do herbicida como uma nova fonte de carbono. Desta forma, os microrganismos provindos de solos que degradam glifosato podem ser utilizados na biorremediação de áreas contaminadas com esse herbicida (Masotti *et al.*, 2023).

Neste trabalho, avaliamos a riqueza e a frequência relativa baseada nos taxa fúngicos isolados do solo (Tabela 1; Figuras 2 e 3). A diversidade de microrganismos envolve dois parâmetros: a riqueza e a abundância relativa. A riqueza baseia-se na quantidade de espécies observadas e a abundância relativa, na quantidade de indivíduos de uma determinada espécie em um local ou amostra (Pianka, 1994).

Tabela 1 – Frequência Relativa (%) dos taxa fúngicos isolados de solo com (CG) e sem glifosato (SG), na cidade de Umuarama PR.

Táxon	Frequência Relativa (%)	
	CG	SG
<i>Aspergillus</i> sp.	0,74	11,70
<i>Fusarium</i> sp.	23,53	15,96
Leveduras	35,29	1,77
<i>Penicillium</i> sp.	2,21	52,13
<i>Trichoderma</i> sp.	8,09	3,90
Morfotipo 02	5,88	3,55
Morfotipo 03	5,15	0,71
Mycelia Sterilia 01	0,74	6,03
Morfotipo 01	1,47	0,00
Morfotipo 04	15,44	0,00
Morfotipo 06	0,74	0,00
Mycelia Sterilia 03	0,74	0,00
Morfotipo 05	0,00	0,35
Morfotipo 07	0,00	0,35
Mycelia Sterilia 02	0,00	2,48
Mycelia Sterilia 04	0,00	0,71
Mycelia Sterilia 05	0,00	0,35

Fonte: Autoras, 2023.

A riqueza total dos solos analisados foi de 17 taxa fúngicos (Tabela 2). Destes, oito são compartilhados entre os solos, destacando-se os fungos leveduriformes como mais frequentes no solo com aplicação de glifosato (35,3%) (Tabela 1; Figura 2) e o gênero *Penicillium* sp. no solo sem aplicação do herbicida (52,1%) (Tabela 1; Figura 3). Os fungos leveduriformes não foram identificados quanto ao gênero.

Tabela 2 – Riqueza dos taxa fúngicos isolados de ambos os solos (compartilhados), solo com (CG) e sem glifosato (SG), na cidade de Umuarama PR.

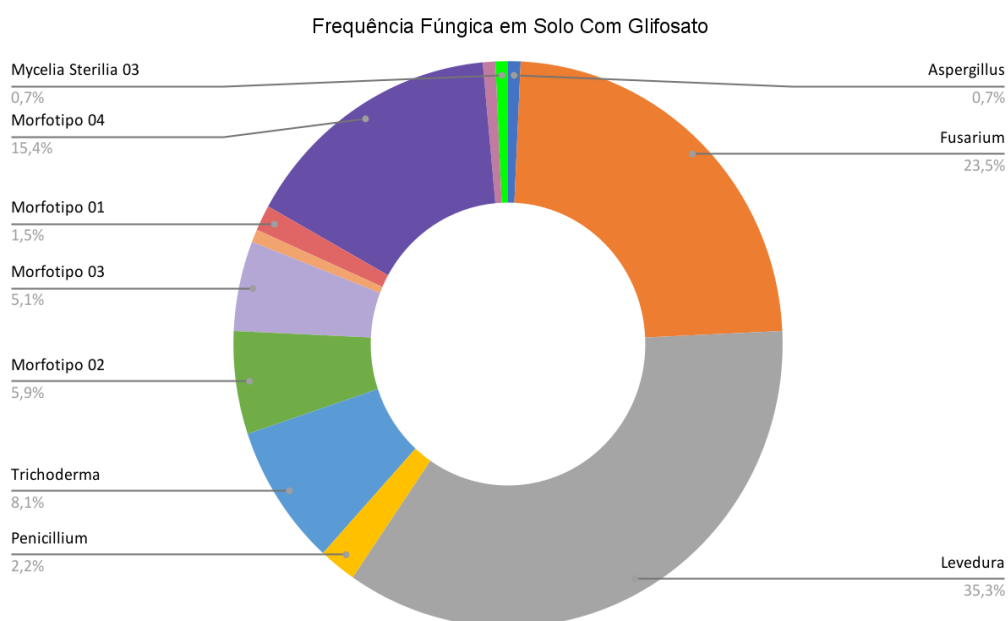
TAXA FÚNGICA	QUANTIDADE DE TAXA
Compartilhados	08
Exclusivos CG	04
Exclusivos SG	05
RIQUEZA	17

Fonte: Autoras, 2023.

O D_{Mn} do solo SG foi de 0,77 e o do solo CG foi de 1,02. Esses valores sugerem uma maior diversidade de espécies relativa ao número total de indivíduos no solo CG comparado ao solo SG. Conseqüentemente, isto significa que, proporcionalmente, o solo CG tem mais espécies distintas para cada unidade de indivíduos amostrados do solo SG.

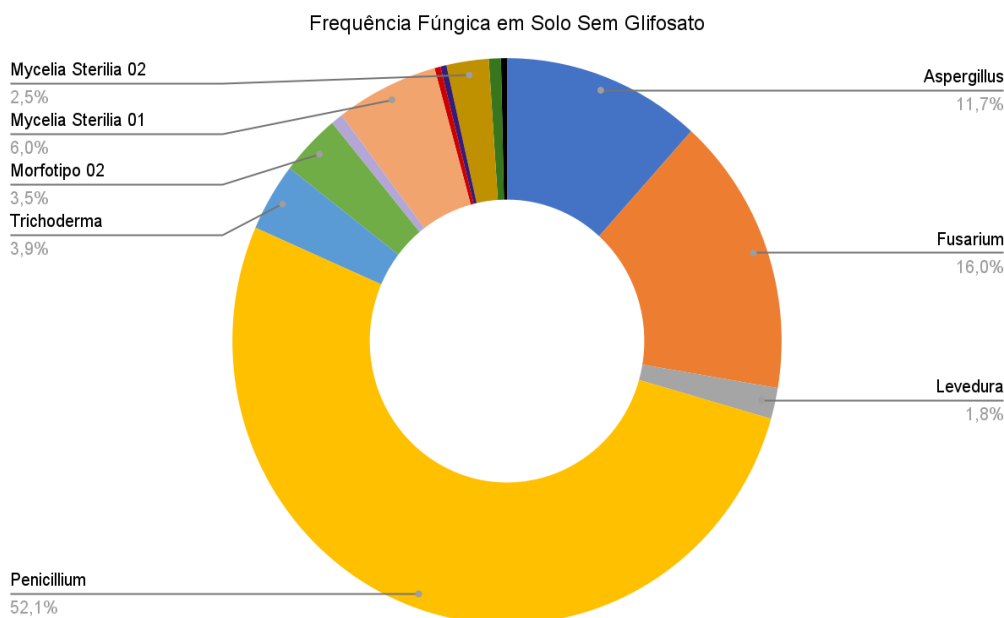
O solo com glifosato apresentou quatro taxa fúngicos exclusivos, sendo eles Morfotipos 01, 04 e 06 e Mycelia Sterilia 03 (Apêndices 06, 07, 08 e 10). Enquanto o solo sem glifosato apresentou cinco taxa exclusivos, Morfotipos 05 e 07 e Mycelia Sterilia 02, 04 e 05 (Apêndices 08, 09 e 10).

Figura 2 – Gráfico com os gêneros fúngicos e leveduras e suas respectivas frequências (%) isolados de solo com aplicação regular de glifosato.



Fonte: Autoras, 2023.

Figura 3 – Gráfico com os gêneros fúngicos e leveduras e suas respectivas frequências (%) isolados de solo sem aplicação de glifosato.



Fonte: Autoras, 2023.

Os resultados mostraram uma diferença na composição fúngica das amostras de solo analisadas. Observa-se que a frequência de fungos leveduriformes (Material suplementar- Figura 6) foi maior no microbioma do solo com aplicação de glifosato (35,3%) quando comparado ao solo sem aplicação do agrotóxico (1,8%). Alguns mecanismos de resistência ao glifosato, mutações e variação genética natural foram descobertos em leveduras da espécie *Saccharomyces cerevisiae*. Um desses mecanismos é uma mutação no gene *Aro1*, que participa da via do chiquimato, que bloqueia a ligação do glifosato (Patriarcheas; Momtareen; Gallagher, 2023). Outro mecanismo são mutações em transportadores de efluxo de drogas que eliminam o glifosato da célula leveduriforme (Patriarcheas; Momtareen; Gallagher, 2023). No solo sem glifosato, o gênero *Penicillium* sp. foi o fungo mais frequente, com 52,13% contra 2,21% no solo com glifosato, contrastando com estudos que descrevem este gênero como frequentemente isolado de ambientes contaminados com diferentes pesticidas (Demichelli *et al.*, 2020; Zipperer *et al.*, 2020). Espécies do

gênero *Penicillium* possuem importância ecológica como decompositores (Visagie, 2014). Além disso, proporcionam um aumento no crescimento de plantas em solos alcalinos (Wakelin *et al.*, 2007).

Os gêneros compartilhados identificados neste estudo, *Aspergillus* sp., *Fusarium* sp., *Penicillium* sp. e *Trichoderma* sp. (Material suplementar- Figuras 4, 5, 7, 8, respectivamente), já foram descritos em diversos ambientes e são classificados, em sua maioria, como fungos sapróbios. Contudo, algumas espécies do gênero *Fusarium* sp. causam doenças em plantas (Olalde-Lira *et al.*, 2020; Santos *et al.*, 2021), sendo este mais frequente no solo com glifosato. Meriles e colaboradores (2006) observaram que populações dos gêneros *Trichoderma* sp., *Gliocladium* sp., *Fusarium* sp. e *Pythium* sp. variaram com as concentrações de glifosato e resíduos das plantações anteriores (milho, amendoim). Além disso, populações de *Fusarium* sp. e *Pythium* sp. aumentaram proporcionalmente ao incremento de glifosato. Entretanto, é importante destacar que altas concentrações de glifosato (140 ppm) diminuíram o crescimento radial desses fungos (Meriles *et al.*, 2006).

Neste presente estudo, não foi possível a identificação de sete morfotipos (Material suplementar- Figuras 9 a 15) e cinco Mycelia Sterillia (Material suplementar- Figuras 16 a 20) pela técnica de microcultivo. Dentre os fungos não identificados, apenas três fazem parte da microbiota de ambos os solos, os demais são exclusivos de um ou outro solo avaliado, estando presentes em menor frequência (Tabela 1). Este fato é comum tanto em solos de cultivo quanto em ambientes naturais (Ghizelini *et al.*, 2019). Entretanto, é importante destacar que, mesmo possuindo um *core* microbiano encontrado na maioria dos solos, os microrganismos o compõem, mesmo que sejam taxonomicamente similares, e podem apresentar funções distintas, variando de acordo com o ambiente em que se encontram e se desenvolvem (Vogel *et al.*, 2009).

Considerando os resultados observados, a aplicação de herbicidas, como o glifosato, pode alterar a microbiota do solo por meio da pressão de seleção de microrganismos, ativação de genes silenciados ou promovendo mutações (Gressel, 2011; Zabaloy *et al.*, 2012). Tais alterações podem influenciar a qualidade do ecossistema, uma vez que a diversidade microbiana

funcional está diretamente relacionada à ciclagem de nutrientes do solo (Cavalcante *et al.*, 2023).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste estudo, foi possível observar a maior frequência de fungos cultiváveis dos gêneros *Penicillium* nas amostras de solo sem histórico de aplicação de glifosato. A amostra de solo com aplicação regular de glifosato apresentou um maior número de colônias leveduriformes. É importante destacar que mais estudos devem ser conduzidos para compreender quais os impactos dessas diferenças e para a identificação das espécies fúngicas presentes em cada amostra. Desta forma, estudar e compreender as funções da microbiota do solo, bem como as ações antrópicas que provocam alterações na quantidade e composição dos microrganismos presentes nesses ambientes, certamente auxiliarão na identificação de técnicas que permitam evidenciar a biodiversidade de microrganismos e, conseqüentemente, compreender a estruturação e manutenção do ambiente. Além disso, este trabalho é o início de um possível banco de fungos degradadores de glifosato. Portanto, as cepas isoladas podem, futuramente, ser utilizadas para biorremediação de áreas com a aplicação desse herbicida tão difundido no Brasil.

REFERÊNCIAS

ADESEMOYE, A. O.; KLOEPPER, J. W. Plant-Microbes Interactions in Enhanced Fertilizer-Use Efficiency. **Applied Microbiology and Biotechnology**. v. 85, n. 1, p. 1-12, 2009.

AL-ANI, M. A. M.; HMOSHI, R. M.; KANAAN, I. A.; ABDULLAH, A. T. Effect of pesticides on soil microorganisms. **Journal of Physics**. v. 1294, n. 7, 2019.

ANDREOLA, F.; FERNANDES, S. A. P. 2007. A Microbiota do Solo na Agricultura Orgânica e no Manejo das Culturas In: Silveira, A.P.D., Freitas, S.S. (eds). **Microbiota do Solo e Qualidade Ambiental**, p. 30-37. Instituto Agronômico, Campinas, SP.

BAYLIS, A. D. Why glyphosate is a global herbicide: strengths, weaknesses and prospects. **Pest Management Science**. v. 56, n. 4, p. 299–308, 2000.

BHERING, S .B.; SANTOS, H. G. dos; MANZATTO, C. V.; BOGNOLA, I. A.; FASOLO, P. J.; CARVALHO, A. P. de; POTTER, R. O.; CURCIO, G. R. Mapa de solos do estado do Paraná. **Documentos Embrapa**, Rio de Janeiro, v. 96, p. 1-73, 2007.

CAVALCANTE, F. G.; *et al.* Grupos funcionais do solo: papel das comunidades microbianas especializadas na ciclagem de nutrientes e sensores de distúrbios ambientais. **Cuadernos de Educación y Desarrollo**. v. 15, n. 9, 2023.

CHAGNON, P. L. *et al.* A trait-based framework to understand life history of mycorrhizal fungi. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 18, p. 484-491, 2013.

COTTA, S. R. 2016. O solo como ambiente para a vida microbiana. In: Cardoso, E.J.B.N., Andreote, F. D. (eds). **Microbiologia do Solo**, p. 23-36. ESALQ, Piracicaba, SP.

DABERT, P.; DELGEN, J. Contribution of molecular microbiology to the study in water pollution removal of microbial community dynamics. **Environmental Science & Bio/Technology**. v. 1, p. 39-49, 2002.

DEMICHELLI, F.; MOURA, G. S.; FRANZENER, G.; BITENCOURT, T. B.; FRANCISCO, C.T. P.; CAZAROLLI, L. H. Characterization of microorganisms isolated from soil contaminated with Glyphosate in southern Brazil. **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**. Curitiba, v. 3, n. 1, p. 2-8, 2020.

DUCHIELLA, J. *et al.* Soil aggregate stability increase is strongly related to fungal community succession along an abandoned agricultural field chronosequence in the Bolivian Altiplano. **Journal of Applied Microbiology**, Oxford, v. 50, p. 1266-1273, 2013.

FAO, **Sustainable Food and Agriculture**. Nações Unidas, 07 Maio 2020. Disponível em: <https://www.fao.org/sustainability/news/detail/en/c/1274219/#:~:text=Global%20trends,of%20the%20global%20land%20surface>. Acesso em: 31 out. 2023.

GERMAIN, G. S; SUMMERBELL, R. **Identifying filamentous fungi: A clinical laboratory handbook**. 1. ed. Belmont: Star Publishing, 1996.

GILLER, P. S. The diversity of soil communities, the ‘poor man’s tropical rainforest’. **Biodiversity and Conservation**, London, v. 5, p. 135-168, 1996.

GRESSEL, J. Low pesticide rates may hasten the evolution of resistance by increasing mutation frequencies. **Pest Management Science**. v. 67, p. 253-257, 2011.

GHIZELINI, Angela Michelato. *et al.* Comunidades fúngicas em sedimentos de mangue contaminados com óleo – quem está na lama?. **Boletim de poluição marinha**, v. 139, p. 181-188, 2019.

JANSSON, J. K.; HOFMOCKEL, K.S. Soil microbiomes and climate change. **Nature Reviews Microbiology**. v. 18, p. 35-46, 2020.

KENNEDY, A. C. Bacterial diversity in agroecosystems. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 74, n. 1, p. 65-76, 1999.

KLOPPER, J. W; SCHROTH, M. N. Association of *in vitro* antibiosis with inducibility of increased plant growth by *Pseudomonas* ssp. **Phytopathology News**. v. 12, n. 136, 1978.

KOPITTKE, P. M.; MENZIES, N. W.; WANG, P.; MC KENNA, B. A.; LOMBI, E. Soil and the intensification of agriculture for global food security. **Environment International**. v. 132, n. 105078, 2019.

KREMER, R. J.; MEANS, N. E. Glyphosate and glyphosate-resistant crop interactions with rhizosphere microorganisms. **European Journal of Agronomy**. v. 31, n. 3, p. 153-161, 2009.

LAMBAIS, M. R.; CURY, J. C.; MALUCHE-BARETTA, C.R., *et al.* Diversidade Microbiana nos Solos: Definindo Novos Paradigmas. **Tópicos em Ciência do Solo** v. 4, p. 43-84, 2005.

LANGE, M.; EISENHAUER, N.; SIERRA, C. A.; BESSLER, H.; ENGELS, C.; GRIFFITHS, R. I.; MELLADOVÁZQUEZ, P. G.; MALIK, A. A.; ROY, J.; SCHEU, S.; *et al.* Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage. **Nature Communications**. v. 6, n. 6707, 2005.

LEAKE, J; JOHNSON, D.; DONNELLY, D. P.; MUCKLE, G. E.; BODDY, L.; READ, D. J. Networks of power and influence: the role of mycorrhizal mycelium in 797 controlling plant communities and agroecosystem functioning. **Canadian Journal of Botany**. v. 82, n, 8, p. 1016–1045, 2004.

MADIGAN, M. T.; MARTINKO, J. M.; BENDER, K. S.; BUCKLER, D. H.; STAHL, D. A. **Microbiologia de Brock**. 14. ed. Porto Alegre: Artmed, 2016.

MANZONI, S.; SCHIMEL, J. P.; PORPORATO, A. Physical vs. physiological controls on water-stress response in soil microbial communities. **Ecology**. v. 93, p. 930-938, 2012.

MARBOIS, B.; XIE, L. X.; CHOI, S.; HIRANO, K.; HYMAN, K.; CLARKE, C. F. para-Aminobenzoic acid is a precursor in coenzyme Q6 biosynthesis in *Saccharomyces cerevisiae*. **Journal of Biological Chemistry**. v. 285, p. 27.827–27.838, 2010.

MASOTTI, F.; GARAVAGLIA, B. S.; GOTTIG, N.; OTTADO, J. Bioremediation of the herbicide glyphosate in polluted soils by plant-associated microbes. **Current Opinion in Microbiology**. v. 73, 2023.

MATTOS, M. L. T.; MACHADO, M. I.; SANTOS, F. O.; MARTINS, F. S.; SANTOS, S. C. A; Microrganismos do solo envolvidos na degradação dos herbicidas clomazone e gglifosate, em labouras de arroz irrigado, no Rio Grande do Sul. *In: Workshop sobre biodegradação, 2., 2001, Campinas. Anais [...]* Campinas: EMBRAPA-CNPMA, 2001.

MENHINICK, E. F. A comparison of some species-individuals diversity indices applied to samples of field insects. **Ecology**, v. 45, n. 4, p. 859-861, 1964.

MERILES, J. M.; VARGAS GIL, S.; HARO, R. J.; MARCH, G. J.; GUZMAN, C. A. Glyphosate and Previous Crop Residue Effect on Deleterious and Beneficial Soil-borne Fungi from a Peanut-Corn-Soybean Rotations. **Journal of Phytopathology**. v. 154, n. 5, p. 309-316, 2006.

MIRANSARI, M. Soil microbes and the availability of soil nutrients. **Acta Physiologiae Plantarum**, Paris, v. 35, p. 3075-3084, 2013.

MUELLER-DOMBOIS, D.; ELLENBERG, H. **Aims and Methods of Vegetation Ecology**. 1. ed. John Wiley and Sons: New York, 1925.

OERKE, E. C. Crop Losses to Pests. **Journal of Agricultural Science**, v. 144, n. 01, p. 31-43, 2006.

OLALDE-LIRA, G. G.; MONTAÑO, Y. A. R.; BARRIOS, P. A.; VARGAS-SANDOVAL, M.; SANTOS, M. E. P.; RAYMUNDO, T.; VALENZUELA, R.; LARA-CHÁVEZ, Ma. B. N. Caracterización de *Fusarium* spp., fitopatógeno de aguacate (*Persea americana* Miller var. *drymifolia* (Schltdl. y Cham.)) en Michoacán, México. **Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias UNCuyo**. v. 52, n. 2, p. 301-331, 2020.

PATRIARCHEAS, D.; MOMTAREEN, T.; GALLAGHER, J. E. G. Yeast of Eden: microbial resistance to glyphosate from a yeast perspective. **Current Genetics**. v. 69, p. 1-10, 2023.

PEREIRA, J. C.; NEVES, M. C. P.; DROZDOWICZ, A. Dinâmica das populações bacterianas em solos de cerrados. **Pesquisa Agropecuária**, v. 34, n. 5, p. 801-811, 1999.

PIANKA, E. R. **Evolutionary Ecology**. 5. ed. New York: Harper Collins, 1994, 512 p.

RAYMOND, J. *et al.* The natural history of nitrogen fixation. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 21, p. 541-554, 2004.

RIDDELL, R. W.; Permanent Stained Mycological Preparations Obtained by Slide Culture. **Mycologia**, v. 42, p. 265-270, 1950.

ROUSK, J.; BROOKES, P. C.; BÅÅTH, E. Contrasting soil pH effects on fungal and bacterial growth suggest functional redundancy in carbon mineralization. **Applied Environmental Microbiology**. v. 75, n. 6, p. 1589-1596, 2009.

ROSSELLÓ-MORA, R.; AMANN, R. The species concept for prokaryotes. **FEMS Microbiology Reviews**, n. 25, p. 39-67, 2001.

SANTOS, K. C. R. dos; ROCHA, K. L. C. D. A.; BEZERRA, M. C.; NASCIMENTO, V. C. D.; LOPES, F. A. C. Efeito Inibitório sobre o crescimento do fitopatógeno do *fusarium solani* por meio de metabólitos voláteis de isolados do gênero *trichoderma* spp. **Revista Multidisciplinar de Educação e Meio Ambiente**, [S. l.], v. 2, n. 3, p. 29, 2021.

TANNEY, J.; HUTCHISON, L. The effects of glyphosate on the in vitro linear growth of selected micro fungi from a boreal forest soil. **Canadian Journal of Microbiology**. v. 56, p. 138-144, 2010.

TORSVIK, V.; GOKSØYR, J.; DAAE, F. L. High diversity in DNA of soil bacteria. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 56, p. 782–787, 1990.

VÁZQUEZ, M. B.; MORENO, M. V.; AMODEO, M. R.; BIANCHINOTTI, M. V. Effects of glyphosate on soil fungal communities: A field study. **Revista Argentina de Microbiología**. v. 53, n. 4, p. 349-358, 2021.

VISAGIE, C. M.; HOUBRAKEN, J.; FRISVAD, J. C.; HONG, S. B.; KLAASSEN, C. H. W.; PERRONE, G.; SEIFERT, K. A.; VARGA, J.; YAGUCHI, T.; SAMSON, R. A. Identification and nomenclature of the genus *Penicillium*. **Studies in Mycology**. v. 78, n. 1, p. 343–371, 2014.

VOGEL, T. M. TerraGenome: a consortium for the sequencing of a soil metagenome. **Nature**, New York, v. 7, p. 252, 2009.

WAKELIN, S. A.; GUPTA, V. V.; HARVEY, P. R.; RYDER, M. H. The effect of *Penicillium* fungi on plant growth and phosphorus mobilization in neutral to alkaline soils from southern Australia. **Canadian Journal of Microbiology**. v. 53, n. 1, p. 106-115, 2007.

ZHANG, Q. Y.; SHAO, M. A.; JIA, X. X.; WEI, X. R. Changes in soil physical and chemical properties after short drought stress in semi-humid forests. **Geoderma**. v. 338, p. 170–177, 2019.

ZABALOY, M. C.; GÓMEZ, E.; GARLAND, J. L.; GÓMEZ, M. A. Assessment of microbial community function and structure in soil microcosms exposed to glyphosate. **Applied Soil Ecology**. v. 61, p. 333-339, 2012.

ZIPPERER, M.; MINOTTO, E.; GELINSKI, J. M. L. N.; BARATO, C. M.; JEREMIAS, R. Isolamento e seleção de fungos de solo de cultivo de videiras contaminado com dicarbamato para biorremediação. Anuário pesquisa e extensão. **UNOESC Videira** - 2020.