



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS

JULIANA FERREIRA DE MELLO

**FILOGENIA E IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Fusarium*, *Neocosmospora* E
Geotrichum ASSOCIADAS À CULTURA DA BATATA-DOCE**

Recife

2023

JULIANA FERREIRA DE MELLO

FILOGENIA E IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Fusarium*, *Neocosmospora* E *Geotrichum* ASSOCIADAS À CULTURA DA BATATA-DOCE

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos do Departamento de Micologia do Centro de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Pernambuco, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutora em Biologia de Fungos.

Área de Concentração: Micologia aplicada

Orientador: Dr. Alexandre Reis Machado

Coorientador: Dr. André Angelo Medeiros Gomes

Recife

2023

Catálogo na Fonte
Bibliotecário: Marcos Antonio Soares da Silva
CRB4/1381

Mello, Juliana Ferreira de .

Filogenia e identificação de espécies de *Fusarium*, *Neocosmospora* e *Geotrichum* associadas à cultura de batata-doce. / Juliana Ferreira de Mello. – 2023.

132 f. : il., fig.; tab.

Orientador: Alexandre Reis Machado Machado.

Coorientador: André Angelo Medeiros Gomes.

Tese (doutorado) –Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos da Universidade Federal de Pernambuco, 2023.

Inclui referências, apêndice .

1. Etiologia. 2. *Fusarium*. 3. *Geotrichum*. 4. *Neocosmospora*. 5. Podridão azeda. 6. Taxonomia. I. Machado, Alexandre Reis (Orient.). II. Gomes, André Angelo Medeiros (Coorient.). III. Título.

579.

CDD

UFPE/CB – 2024-

JULIANA FERREIRA DE MELLO

FILOGENIA E IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Fusarium*, *Neocosmospora* E *Geotrichum* ASSOCIADAS À CULTURA DA BATATA-DOCE

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos do Departamento de Micologia do Centro de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Pernambuco, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutora em Biologia de Fungos.

Aprovada em: 14/08/2023

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Alexandre Reis Machado (Orientador)
Universidade Federal de Pernambuco

Prof. Dr. Jadson Diogo Pereira Bezerra (Examinador Interno)
Universidade Federal de Goiás

Profa. Dra. Neiva Tinti de Oliveira (Examinador Interno)
Universidade Federal de Pernambuco

Dr. Antônio Félix da Costa (Examinador Externo)
Instituto Agrônômico de Pernambuco

Dra. Ana Carla da Silva Santos (Examinador Externo)
Universidade Federal de Pernambuco

Dedico a Deus o autor e detentor de toda sabedoria. Aos meus pais Ana Rosa e Maviel Júnior, minha irmã Thaís Mello e ao meu marido Fhylipe Anderson por todo apoio, carinho e compreensão em todos os momentos.

AGRADECIMENTOS

A Deus, o autor e detentor de toda sabedoria por me capacitar e estar presente em minha vida em todos os momentos.

Aos meus pais Ana Rosa e Maviel Mello, por todo apoio, carinho, amor e compreensão demonstrados em cada passo da minha jornada científica e por sempre acreditarem em mim.

A minha irmã Thaís Mello, por sempre me encorajar a seguir em frente, por toda ajuda nos momentos que eu mais precisei, por ser a minha inspiração e por estar sempre comigo.

Ao meu marido Fhylipe Anderson, pelo amor, cuidado, carinho, paciência, compreensão nas minhas ausências e por sua contribuição direta em cada detalhe desta tese.

Ao CNPq pelo fornecimento da minha bolsa de Pós-graduação nas modalidades de Mestrado e Doutorado sem as quais eu não teria como realizar este trabalho.

Aos meus familiares e amigos por todo carinho e força.

A todos que fazem parte da minha igreja, minha segunda casa, por todas as orações e demonstrações de carinho.

Ao meu orientador Alexandre Reis Machado, por toda a paciência, cuidado e atenção que sempre demonstrou por mim ao longo desses seis anos, me mostrando que somos sim capazes de grandes coisas e por me ensinar grande parte de todo conhecimento que adquiri ao longo dessa jornada científica.

Aos meus amigos e amigas que fazem parte da família do Laboratório de Micologia Ambiental, pela força, atenção e companheirismos ao longo desses seis anos.

A todos que fazem parte do Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos da Universidade Federal de Pernambuco e às agências de fomento CNPq, CAPES e Facepe pelo apoio financeiro para a realização das pesquisas.

RESUMO

Ipomoea batatas (L.) Lam é uma espécie de cultivo altamente disseminado apresentando grande importância socioeconômica. Todavia, alguns fatores limitam sua produtividade como as podridões radiculares e das ramas causadas por fungos que estão entre as doenças mais comuns e possuem grande importância. O presente trabalho teve como objetivo a identificação de espécies pertencentes a gêneros fusarióides provenientes de ramas e de raízes com sintomas de podridão (fitopatogênicos) e ramas sadias (endofíticos) de batata-doce em Pernambuco e relatar a espécie *Geotrichum candidum* causando podridão azeda em batata-doce no Brasil. A identificação das espécies fusarióides baseou-se na análise filogenética das regiões gênicas *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* e no estudo da morfologia das estruturas reprodutivas, o que resultou em um total de 51 isolados. A identificação das espécies de *Geotrichum* foi baseada nas análises filogenéticas da região amplificada do rDNA-ITS e do domínio D1/D2 da subunidade grande do gene rRNA e no estudo das estruturas morfológicas, resultando em um total de 6 isolados obtidos. A análise filogenética dos isolados fusarióides resultou na formação de três árvores com dez espécies do gênero *Fusarium* distribuídas nos complexos de espécies *F. incarnatum-equiseti* (FIESC), complexo de espécies *F. fujikuroi* (FFSC) e complexo de espécies *F. oxysporum* (FOSC) com uma novidade taxonômica e uma árvore filogenética apresentando duas espécies pertencentes ao gênero *Neocosmospora*. A análise filogenética para o gênero *Geotrichum* resultou na formação de uma árvore filogenética com os 6 isolados pertencente a espécie *G. candidum*. Para os testes de patogenicidade dos gêneros fusarióides, foi selecionado um isolado representativo de cada espécie obtido como endofítico e patogênico. Após 20 dias, o experimento foi avaliado e lesões necróticas foram observadas em 13 dos 14 isolados testados. No teste de patogenicidade em ramas após 30 dias foi possível observar o surgimento de lesões necróticas em todos os tratamentos nos 14 isolados. No teste de patogenicidade em raízes para *Geotrichum*, foram observadas lesões necróticas em todas as repetições. Este trabalho corresponde ao primeiro relato das espécies *F. pernambucanum*, *F. caatingaense*, *F. annulatum*, *F. pseudocircinatum*, *F. agrestense*, *F. elaeidis*, *N. falciformis* e *N. suttoniana* associadas a podridão das raízes e ramas da batata-doce no Brasil e no mundo, bem como o primeiro relato de *G. candidum* causando a podridão azeda da batata-doce no Brasil.

Palavras-chave: Etiologia, *Fusarium*, *Geotrichum*, *Neocosmospora*. Podridão azeda
Taxonomia.

ABSTRACT

Ipomoea batatas (L.) Lam is a highly widespread crop species with great socioeconomic importance. However, some factors limit its productivity, such as root and branch rot caused by fungi, which are among the most common diseases and are of great importance. The present work aimed to identify species belonging to fusarioid genera originating from branches and roots with rot symptoms (phytopathogenic) and healthy stems (endophytic) of sweet potatoes in Pernambuco and report the species *Geotrichum candidum* causing sour rot in potatoes in Brazil. The identification of the fusarioid species was based on the phylogenetic analysis of the *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* and *CAM* gene regions and on the study of the morphology of the reproductive structures, which resulted in a total of 51 isolates. The identification of *Geotrichum* species was based on phylogenetic analyzes of the amplified region of rDNA-ITS and the D1/D2 domain of the large subunit of the rRNA gene and on the study of morphological structures, resulting in a total of 6 isolates obtained. The phylogenetic analysis of fusarioid isolates resulted in the formation of three trees with ten species of the genus *Fusarium* distributed in the *F. incarnatum-equiseti* species complex (FIESC), *F. fujikuroi* species complex (FFSC) and *F. oxysporum* species complex (FOSC).) with a new taxonomic and a phylogenetic tree presenting two species belonging to the genus *Neocosmospora*. The phylogenetic analysis for the genus *Geotrichum* resulted in the formation of a phylogenetic tree with the 6 isolates present the species *G. candidum*. For pathogenicity tests of fusarioid genera, a representative isolate of each species was selected and obtained as endophytic and pathogenic. After 20 days, the experiment was evaluated and necrotic lesions were observed in 13 of the 14 isolates tested. In the pathogenicity test on stems after 30 days, it was possible to observe the appearance of necrotic lesions in the neck region of the seedlings in all treatments in the 14 isolates. In the root pathogenicity test for *Geotrichum*, slightly sunken necrotic lesions were observed in all replicates. This work corresponds to the first report of the species *F. penambucanum*, *F. caatingaense*, *F. annulatum*, *F. pseudocircinatum*, *F. agrestense*., *F. elaeidis*, *N. falciformis* and *N. suttoniana* associated with rot of the roots and branches of potatoes- sweet in Brazil and around the world, as well as the first report of *G. candidum* causing sweet potato sour rot in Brazil.

Keywords: Etiology, *Fusarium*, *Geotrichum*, *Neocosmospora*, sour rot, Taxonomy

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Sintomas de Podridão pós-colheita em raízes e ramas de batata-doce, causados por espécies pertencentes ao gênero *Fusarium* e *Neocosmospora* **80**

Figura 2: Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* do complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* **83**

Figura 3: Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* do complexo de espécies *Fusarium fujikuroi* **85**

Figura 4: Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* do complexo de espécies *Fusarium oxysporum* **87**

Figura 5: Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1* e *RPB2* do gênero *Neocosmospora* **89**

Figura 6: Prancha morfologia da espécie *Fusarium agrestense* novidade taxonômica inserida no complexo de espécies *Fusarium oxysporum* **101**

Figura 7: Teste de patogenicidade com isolados pertencentes as espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* isolados como endofíticos e fitopatogênicos provenientes de raízes tuberosas de batata-doce **103**

Figura 8: Teste de patogenicidade com isolados pertencentes as espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* isolados como endofíticos e fitopatogênicos provenientes de ramas de batata-doce **104**

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Pares de primers, procedimentos de amplificação por PCR e referências usadas neste estudo **56**

Tabela 2: Sequências dos isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo **56**

Tabela 3: Sequências dos isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium fujikuroi* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo **60**

Tabela 4: Sequências dos isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium oxysporum* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo **66**

Tabela 5: Sequências dos isolados pertencentes ao gênero *Neocosmospora* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo **70**

Tabela 6: Distribuição dos táxons obtidos no presente estudo **91**

LISTA DE SIGLAS

BDA	Batata Dextrose Ágar
CAM	Calmodulina
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
PCR	Polymerase chain reaction
RPB1	Maior subunidade da RNA polimerase
RPB2	Segunda maior subunidade da RNA polimerase
SNA	Synthetic nutrient-poor agar
TEF- α	Fator de elongação da tradução

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	17
2.1 ASPECTOS GERAIS DA CULTURA DA BATATA-DOCE	17
2.2 ÍNDICES DE PRODUTIVIDADE DA BATATA-DOCE	21
2.3 PRINCIPAIS DOENÇAS ASSOCIADAS A BATATA-DOCE	22
2.4 PRINCIPAIS DOENÇAS RADICULARES E DAS RAMAS CAUSADAS POR FUNGOS	25
2.4.1 Murcha de <i>Fusarium</i> (<i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>batatas</i>)	27
2.4.2 Podridão da raiz (<i>Neocosmospora solani</i>)	28
2.4.3 Mal-do-pé (<i>Diaporthe destruens</i>)	28
2.4.4 Podridão mole (<i>Rhizopus</i> spp.)	29
2.4.5 Podridão negra da batata-doce (<i>Ceratocystis fimbriata</i>)	30
2.4.6 Sarna da batata-doce (<i>Monilochaeres infuscans</i>)	30
2.5 ASPECTOS GERAIS DO GÊNERO <i>FUSARIUM</i> E SUAS INTERAÇÕES	31
2.6 CONCEITOS DE ESPÉCIES ADOTADOS NA TAXONOMIA DO GÊNERO <i>Fusarium</i>	35
2.6.1 Conceito de espécie morfológico e suas aplicações	37
2.6.2 Conceito de espécie biológica e suas aplicações	39
2.6.3 Conceito de espécie filogenética e suas aplicações	41
2.6.3.1 Complexos de espécies em <i>Fusarium</i>	43
2.7 CONCEITO E UTILIZAÇÃO DA <i>Formae speciales</i> em <i>Fusarium oxysporum</i>	46
2.8 Geotrichum COMO AGENTE CAUSADOR DE PODRIDÕES EM FRUTOS E HORTALIÇAS	48
ARTIGO1: SPECIES DIVERSITY OF FUSARIOID GENERA ASSOCIATED WITH SWEET POTATO IN BRAZIL, INCLUDING THE DESCRIPTION OF A NEW SPECIES	49
3 INTRODUÇÃO	50
4 MATERIAL E MÉTODOS	53
4.1 COLETA DE AMOSTRAS E ISOLAMENTO DE FUNGOS	53
4.2 EXTRAÇÃO DE DNA, PCR E SEQUENCIAMENTO	54
4.3 ANÁLISES FILOGENÉTICAS	56
4.4 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA	79
4.5 TESTE DE PATOGENICIDADE	79
4.5.1 Inoculação em Raiz	79
4.5.2 Inoculação em Ramas	80
5 RESULTADOS	80
5.1 ISOLAMENTO DE FUNGOS E SINTOMATOLOGIA	80

5.2 ANÁLISES FILOGENÉTICAS	82
5.3 IDENTIFICAÇÃO MORFOLÓGICA.....	93
5.3.1 Descrição das espécies	94
5.4 TAXONOMIA.....	99
5.5 TESTE DE PATOGENICIDADE.....	103
5.5.1 Inoculação em raízes e ramas	103
6 DISCUSSÃO	106
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	110
8 CONCLUSÕES DA TESE	115
9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS DA TESE	116
10 APÊNDICE	125
10.1 ARTIGO 2: ARTIGO PUBLICADO NA REVISTA “ <i>JOURNAL OF PLANT DISEASES AND PROTECTION</i> ”, EM 19 DE ABRIL DE 2023, COM PARTE DOS RESULTADOS DESSA TESE (DOI: HTTPS://DOI.ORG/10.1007/S41348-023-00748-2).....	125

1 INTRODUÇÃO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L) Lam. é uma raiz alimentícia amplamente cultivada e de grande importância econômica. Seu cultivo é considerado simples, sendo realizado mundialmente em praticamente todas as épocas do ano, devido a sua rusticidade, fator que lhe concede ampla adaptação às mais diversas regiões, climas e solos (QUEIROGA et al., 2007). Além de apresentar crescimento e amadurecimento das suas raízes em curto período de tempo e alta taxa de produtividade por área plantada (EMBRAPA, 2008).

No Brasil, a batata-doce é uma das hortaliças mais cultivadas e consumidas, possuindo um rendimento médio de 14.678 kg/ha de acordo com o último levantamento realizado no ano de 2021 (IBGE, 2023). Apesar de ser cultivada em todas as regiões do país, verificou-se no levantamento realizado no ano de 2019 que as regiões que mais se destacaram na produção dessa cultura foram, respectivamente, a região Sul, Sudeste e Nordeste (IBGE, 2023).

Embora seja produzida e consumida em todo o país, diversos fatores atuam limitando a produção da batata-doce, dentre estes, as podridões radiculares e das ramas ocasionadas por fungos. Diversas espécies fúngicas atuam causando estas podridões de raízes e ramas no campo, além de podridões pós-colheita, produzindo manchas e podridões nas raízes tuberosas, afetando diretamente a qualidade do produto a ser comercializado. Na cultura da batata-doce já foram relatadas podridões das raízes causadas por *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas*, *Rhizopus* sp., *Lasiodiplodia theobromae*, *Ceratocystis fimbriata* e *Plenodomus destruens* (*Diaporthe destruens*) (PIO-RIBEIRO et al., 2016) e podridão de raízes e ramas de batata-doce causada por *Macrophomina*, *Lasiodiplodia* e *Neoscytalidium* (DE MELLO et al., 2021).

Dentre os patógenos citados como causadores de doenças radiculares da batata-doce, os fungos pertencentes ao gênero *Fusarium* apresentam grande destaque devido à diversidade de espécies do gênero e potencial patogênico em seus diversos hospedeiros, além da capacidade que estes patógenos possuem de permanecer em restos culturais durante longos períodos por meio dos clamidósporos (PIO-RIBEIRO et al., 2016).

O gênero *Fusarium* foi descrito inicialmente por Link em 1809 como pertencente ao filo Ascomycota (INDEX FUNGORUM, 2018). O gênero pertence a um grupo taxonômico complexo e bastante controverso entre os taxonomistas, um exemplo disto é a variação no número de espécies aceitas que já oscilou de nove a mais de mil dependendo do grupo de pesquisadores (SUMMERELL E LESLIE, 2011). As espécies de *Fusarium* foram descritas em sua maioria com base nas características morfológicas dos conídios septados, em forma de canoa, produzidos pela maioria das espécies; e pelo aspecto e formação de outros esporos

assexuados (LESLIE E SUMMERELL, 2006). Todavia, a utilização de ferramentas moleculares tem sido fundamental para a identificação precisa desses patógenos, uma vez que a existência de complexos de espécies e sobreposição de caracteres dificulta muito a identificação morfológica de espécies (HYDE et al., 2014). Diante desta perspectiva, três tipos de definição de espécies têm sido trabalhados na taxonomia de gêneros fusarióides, o conceito de espécies morfológicas, biológicas e filogenéticas. Sendo necessária a utilização de pelo menos dois tipos de conceitos para a identificação e ou descrição de novas espécies (CAI et al., 2011).

A utilização das ferramentas moleculares possibilitou a identificação de gêneros fusarióides que eram classificados anteriormente como pertencentes apenas ao gênero *Fusarium* pelo fato de compartilharem caracteres morfológicos, como a presença de macroconídios provenientes de esporodóquios. No entanto, estudos mostraram que essa morfologia evoluiu várias vezes dentro de Sordariomycetes e que apenas em Nectriaceae, cerca de 20 gêneros compartilham os caracteres que até então eram tidos como restritos apenas ao gênero *Fusarium* (CROUS et al., 2021).

Estudos filogenéticos moleculares, combinados com evidências morfológicas, ecológicas e bioquímicas apoiaram a segregação de fungos anteriormente classificados como *Fusarium* em 20 gêneros fusarióides em *Nectriaceae*. Como consequência, *Fusarium sensu stricto* representa um grupo mais restrito (nó F3), englobando espécies caracterizadas por estados sexuais de *Gibberella* (CROUS et al., 2021). Nesse contexto, uma mudança marcante foi a designação do gênero *Neocosmospora* para reter espécies anteriormente consideradas no complexo de espécies *Fusarium solani* (SANDOVAL-DENIS et al., 2019). Apesar de apresentarem características morfológicas semelhantes, o gênero *Fusarium* e os demais gêneros fusarióides são filogeneticamente e biologicamente distintos (CROUS et al., 2021).

Dentre as espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* que causam podridão de raízes e ramos da batata-doce e de diversos hospedeiros, duas espécies merecem destaque *Fusarium oxysporum*, *Fusarium* f. sp. *batatas* e *Neocosmospora solani*, pois atuam negativamente em áreas de cultivo distribuídas em diferentes regiões do mundo, causando a murcha de *Fusarium* que apresenta como sintomas primários murcha e amarelecimento das folhas, afetando o sistema vascular da planta, atingindo os caules e ramos, podendo progredir e causar escurecimento e apodrecimento das raízes tuberosas e, da podridão radicular e das ramos, que apresentam lesões circulares de coloração marrom-escura nas raízes e lesões profundas na superfície dos tubérculos que podem se estender na periderme da raiz ou causando cavidades ocas com a presença de um micélio branco podem ser formadas a partir

de lesões sob a superfície dos tubérculos, respectivamente (Yang et al., 2018; Pio-Ribeiro et al., 2016). Entretanto, até o momento nenhum estudo acurado foi realizado a fim de confirmar se *F. oxysporum* f. sp. *batatas* e *N. solani* são os responsáveis pelas fusarioses em batata-doce em plantios no Brasil.

Diversas espécies fusarióides são encontradas como sapróbias, fitopatogênicas e endofíticas, recebendo maior destaque como fitopatógenos devido a gama de hospedeiros economicamente importantes (CAI et al., 2011). Os fungos endofíticos vivem no interior de tecidos e órgãos vegetais, em geral são encontrados nas partes aéreas, como folhas e caules, sem aparentemente causar danos aos seus hospedeiros. No entanto, especula-se que espécies fitopatogênicas podem sobreviver nesse estado no hospedeiro até que surja uma condição favorável para iniciar a patogênese, como estresse abiótico ou ferimento das plantas (KEDERA et al., 1992; BACON E YATES 2006; BACON et al., 2008). Entretanto, a sobrevivência de espécies de *Fusarium* patogênicas na forma de endofíticos (latentes) ainda não foi confirmada para o patossistema batata-doce-*Fusarium*.

Além das espécies pertencentes aos gêneros fusarióides e das espécies já citadas anteriormente outras espécies já foram relatadas no mundo associadas as podridões radiculares em raízes de batata-doce, incluindo *Geotrichum candidum*, agente etiológico da podridão azeda. A espécie *G. candidum* é de grande importância fitopatológica. Algumas espécies do gênero são importantes patógenos pós-colheita de frutas e hortaliças que causam perdas econômicas na agricultura mundial, devido à ocorrência de podridão azeda em frutas e hortaliças armazenadas (AGRIOS, 2005). Diversos trabalhos já relataram a associação da espécie *Geotrichum candidum* a frutas e legumes no mundo como causadora da podridão azeda. No Brasil, no ano de 2022 essa espécie foi relatada causando podridão azeda em e Tomate (*Solanum lycopersicum*), Chuchu (*Sechium edule*) outras culturas (PAES et al. 2022).

Diante da elevada incidência de podridões radiculares e das ramas na cultura da batata-doce em Pernambuco e da carência de estudos etiológicos envolvendo as doenças dessa cultura no Brasil, é necessário compreender a interação patógeno-hospedeiro, inclusive aqueles que podem estar apenas de forma latente e o modo pelo qual esses patógenos estão sendo disseminados nas áreas de cultivo. Torna-se necessária a realização de estudos que visem à utilização de análises morfológicas, apoiadas por estudos filogenéticos, para uma identificação precisa dos agentes etiológicos. Estes resultados certamente servirão como base para futuros trabalhos que visem o controle de doenças nesta cultura.

Diante do que foi exposto, presume-se que existe uma elevada riqueza de espécies de *Fusarium* patogênicas em ramas e raízes e endofíticas em ramas de batata-doce, em diferentes regiões de Pernambuco. Acredita-se ainda que essas espécies que ocorrem em ramas e raízes sintomáticas e como endofíticas em ramas estão relacionadas e são patogênicas e que existe diferença na diversidade de espécies de *Fusarium* endofíticas em ramas em diferentes áreas de Pernambuco.

O presente trabalho teve como objetivo verificar o relacionamento filogenético entre as espécies de *Fusarium* endofíticas de ramas e as espécies associadas às podridões de ramas e raízes de batata-doce comprovando sua patogenicidade e comparar a diversidade de *Fusarium* endofítico de ramas de batata-doce em diferentes áreas em Pernambuco. Além disso, relatar pela primeira vez a espécie *Geotrichum candidum* causando podridão azeda em batata-doce no Brasil (Trabalho publicado revista *Journal of Plant Diseases and Protection* - inserido nos Apêndices da Tese).

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 ASPECTOS GERAIS DA CULTURA DA BATATA-DOCE

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é uma planta pertencente à família Convolvulaceae, juntamente com outras plantas comuns como as trepadeiras, sendo a única espécie representante desta família cultivada para fins alimentícios (HALL E PHATAK, 1993). Esta cultura é caracterizada por ser uma hortaliça tuberosa com raízes ricas em amido com alta taxa de produtividade. É considerada de fácil cultivo devido a sua rusticidade e por possuir ampla adaptação aos mais variados climas e solos (QUEIROGA, et al. 2007), além de apresentar crescimento e amadurecimento das suas raízes em curto período de tempo e alta taxa de produtividade por área plantada, fatores estes que possibilitam o seu cultivo em escala mundial (EMBRAPA, 2008).

A origem da batata-doce é datada há cerca de 5000 anos atrás, com registros de sua domesticação e início de cultivo nesse período na América (AUSTIN et al., 1988). Segundo Austin (1988) foi possível estabelecer a origem desta cultura utilizando como base a análise dos seus principais aspectos morfológicos. A análise desses caracteres e de outros fatores corroborou a hipótese que esta cultura possui origem na América Tropical, situada entre a América Central e América do Sul, sendo disseminada posteriormente para outras regiões do

mundo. A presença desta cultura na Península de Yucatan no México como possível local de origem é sugerida a partir da análise de batatas secas encontradas em cavernas antigas e a descoberta de escritos arqueológicos encontrados na região ocupada pelos Maias, na América Central (EMBRAPA, 2008).

Estudos relacionados a genética da batata-doce indicaram que esta cultura apresenta alta variabilidade, comprovada por meio da utilização de marcadores moleculares que além de ratificarem a sua origem na América Tropical, indicaram a América Central como a região que possui a maior diversidade de espécies (HUANG E SUN, 2000). Com a dispersão desta cultura no mundo e sua fácil adaptação às mais diversas localidades, foi possível observar o aumento da variabilidade genética nas diversas regiões produtoras de batata-doce no Brasil e no mundo, influenciada por fatores internos e externos e afetada pelas frequentes introduções de plantas desta mesma espécie originária de outras regiões e da diversidade no modo de cultivo (SILVA et al., 2014).

Embora possua uma ampla adaptação aos mais diversos climas, por se tratar de uma cultura de origem tropical, as regiões com altas temperaturas favorecem o crescimento e desenvolvimento desta cultura. No entanto, em regiões com temperaturas muito baixas com presença de geadas, o seu crescimento é prejudicado. A fim de se obter um crescimento ideal recomenda-se para o cultivo uma faixa de temperatura acima de 24°C, fotoperíodo longo, alta taxa de luminosidade e umidade do solo. Quanto mais altos os índices de temperatura e luminosidade menor será o seu ciclo que possui um tempo de cultivo médio de 100 a 150 dias após o seu plantio (DE MIRANDA et al., 1989).

Em relação ao solo utilizado para o plantio, esta cultura não possui muitas restrições quanto ao tipo, podendo desenvolver suas raízes em solos que variam desde os mais arenosos aos argilosos com pH ideal entre 5,6 a 6,5. Contudo, é recomendado para o seu crescimento solos definidos como mais leves, soltos e bem estruturados que irão favorecer o desenvolvimento de raízes mais uniformes e com melhor aparência. Um fator que pode influenciar negativamente o crescimento e retardar a formação de raízes tuberosas é a aeração diminuída em decorrência de solos muito encharcados. Os principais minerais exigidos por esta hortaliça para o seu desenvolvimento são: fósforo, magnésio, nitrogênio, potássio e cálcio (DE MIRANDA et al., 1989).

Semelhantemente a outras culturas de importância econômica, a batata-doce possui alguns cultivares conhecidos que são utilizados de acordo com o período, a finalidade e o

local de plantio. No Brasil, existem cultivares estabelecidas em alguns estados brasileiros possuem cultivares próprias da região. As principais cultivares conhecidas no país são: Brazlândia branca que possui alta produtividade em solos do Cerrado e ótimo estado comercial, apresentando polpa creme e capa externa branca; Brazlândia rosa caracterizada por possuir formato bem uniforme com polpa creme e capa externa rosa, sendo resistente a nematoides; Brazlândia roxa apresenta ótima resistência a insetos e nematoides e ciclo longo, sua polpa é creme e a película externa é roxa; a variedade Coquinho que produz batatas de tamanho médio com ciclo de vida curto e resistente a nematoides, possui polpa branca e camada externa amarela; e a cultivar Princesa com raízes de formato alongado e ciclo variando entre 120 e 150 dias e resistente ao *Diaporthe destruens* (*Plenodomus destruens*) (Harter) Hirooka, Minosh. & Rossman que representa um dos principais patógenos para esta cultura, a sua polpa e películas externas são brancas (EMBRAPA, 2008).

A batata-doce pode ser cultivada por meio de três mecanismos propagativos: o plantio de raízes tuberosas subterrâneas, o plantio de mudas ou com a utilização de suas ramas (SOUZA E LORENZI, 2008). Entretanto, o mecanismo de propagação utilizando as raízes de armazenamento que são as próprias batatas, não é recomendado para comercialização, porque a sua produtividade diminui em consequência do aumento do ciclo e as batatas produzidas são de baixa qualidade, o que favorece a transmissão de doenças (V. GABA E SIMA SINGER, 2009). As raízes de armazenamento normalmente brotam da parte inferior da planta que foi usada para sua propagação e o aspecto dessas raízes ao término do seu desenvolvimento será fundamental para sua comercialização. O uso de mudas obtidas por meio de batatas produzidas em viveiros é bastante realizado com a finalidade de encurtar o tempo de plantio, no entanto, aumentam o custo de produção e o risco da transmissão de doenças causadas por nematoides e outros patógenos. Portanto, o método de plantio da batata-doce mais utilizado e indicado é através de suas ramas, que são pequenas hastes responsáveis pela propagação de novas plantas e que devem possuir de oito a dez entrenós, onde cada entrenó corresponde a uma folha. É recomendado para o plantio deixar as ramas murcharem em lugares com sombra, longe do sol, por um ou dois dias antes de ser realizado o plantio para evitar a quebra das ramas durante a semeadura. As ramas são obtidas em viveiros feitos com batatas ou em lavouras novas, que são as lavouras com até noventa dias, não sendo recomendada a utilização de ramas de lavouras com mais de noventa dias para plantio (V. GABA E SIMA SINGER, 2009).

Em relação à morfologia, a planta possui caule do tipo herbáceo; folhas largas apresentando tamanhos, formas e colorações variáveis; pecíolo longo; flores hermafroditas, mas de fecundação cruzada com coloração que pode variar desde o branco até uma tonalidade rosa claro, normalmente apresentando forma de funil; frutos do tipo cápsula deiscente com duas, três ou quatro sementes de cor castanho-claro (EDMOND E AMMERMAN, 1971). Em relação a produção de raízes, a batata-doce produz dois tipos de raízes, a raiz de reserva ou tuberosa, destinada à comercialização, e a raiz absorvente, responsável pela absorção de água e nutrientes essenciais para o desenvolvimento da planta. As raízes podem apresentar o formato redondo, oblongo, fusiforme ou alongado e podem conter pele lisa ou rugosa (EMBRAPA, 2008).

Em se tratando da colheita existem diversas formas de se estabelecer o momento exato para a sua realização. A finalidade da produção e a demanda do produto pelo mercado consumidor são fatores primordiais para definição desse momento. Quando a finalidade é destinada para o consumo, as raízes em geral são colhidas logo quando atingem o tamanho ideal. Por outro lado, quando a colheita é destinada para a indústria é recomendado que se realize mais tarde quando as raízes irão atingir maior peso médio gerando mais lucro para o produtor (EMBRAPA, 2008).

A versatilidade que esta cultura possui é outro aspecto fundamental que reforça a sua importância econômica, podendo ser utilizada para diversas finalidades desde a alimentação, que representa a maior porcentagem da sua utilização, produção de tecidos e cosméticos até a produção de biocombustíveis (CARDOSO et al., 2005). Esta cultura tem um papel fundamental na alimentação humana e animal devido ao seu alto teor nutricional, presente tanto nas suas raízes tuberosas quanto nas suas ramas. A composição de todas as suas variedades é basicamente formada de vitaminas, amido, beta- caroteno, ferro e potássio (HILL et al., 1992). Quando comparada com culturas como milho, arroz, banana e sorgo, a batata-doce é mais eficiente em quantidade de energia líquida produzida por unidade de área e por unidade de tempo. Todos esses componentes a tornam bastante popular principalmente no ramo gastronômico, onde a mesma pode ser utilizada em pratos fritos, crus, cozidos no vapor ou fervidos. Seu consumo também possui caráter social, sendo elevado e imprescindível nos países de terceiro mundo para a nutrição de milhares de crianças que sofrem de doenças relacionadas à alimentação inadequada. Sua produção tem sido fundamental ao longo dos tempos para o alívio da fome e fornecimento de uma segurança alimentar, principalmente atuando como uma cultura de subsistência (LOEBENSTEIN et al., 2009).

Em suma, esta hortaliça é uma cultura definida como rústica por ser de fácil cultivo, possuindo tolerância às regiões mais secas e com altas temperaturas e umidade, possui crescimento rápido, amadurecimento acelerado e adaptação aos mais variados tipos de solo o que a torna uma cultura de significativa importância econômica bastante disseminada e popular favorecendo a sua produção em escala global (QUEIROGA et al. 2007).

2.2 ÍNDICES DE PRODUTIVIDADE DA BATATA-DOCE

Apesar de ser uma cultura conhecida por sua produção praticamente voltada para a economia de subsistência, a batata-doce possui grande importância em escala mundial, sendo produzida em diversas regiões com diferentes finalidades de consumo. Segundo estimativas levantadas pela FAOSTAT (Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação), em se tratando de índices de produtividade a batata-doce é de importância global, apresentando produção média no ano de 2018 de 11 toneladas (t) de raízes por hectare (ha), com uma produção total de cerca de 91 milhões de t em uma área de 8 milhões de ha de área cultivada (FAOSTAT, 2020). A produção encontra-se centralizada predominantemente nos países em desenvolvimento, os quais representam cerca de 97% da produção mundial desta cultura, sendo a China uma das maiores produtoras com uma representatividade de 52% da área total de cultivo de batata-doce no mundo (SCOTT et al., 2000).

Aproximadamente 80% da produção mundial desta hortaliça é cultivada na Ásia, cerca de 15% na África e apenas 5% no resto do mundo. Nos países que fazem parte do continente Asiático grande parte da produção é destinada para produção de ração animal, enquanto que nas outras regiões a produção se encontra mais destinada ao consumo humano. Quando comparada com outras culturas em relação à produção de nutrientes por área plantada, a batata-doce é considerada a hortaliça que produz mais nutrientes por ha. As diferenças nos rendimentos desta cultura por hectare devem-se principalmente a variação na qualidade do material propagativo utilizado, sendo de fundamental importância que este material esteja sadio e em condições adequadas para um novo plantio (LOEBENSTEIN, 2009).

No Brasil, a batata-doce é uma das hortaliças mais cultivadas e consumidas, possuindo um rendimento médio de 14.678 kg/ha de acordo com o último levantamento realizado no ano de 2021 (IBGE, 2023). Apesar de ser cultivada em todo o país, no ano de 2018 a região Nordeste ocupou o primeiro lugar no ranking de produção nacional. Essa alta taxa de produção está relacionada ao fato de que no Nordeste esta cultura assume maior caráter social, por se constituir em um alimento com alto teor energético, contendo vitaminas e proteínas,

levando-se em consideração a grande limitação na disponibilidade de outros alimentos em períodos críticos de estiagem prolongada (EMBRAPA, 2008).

O Estado de Pernambuco, particularmente, possui grande destaque no cultivo desta hortaliça, que de acordo com a estimativa do IBGE realizada no ano de 2019 ocupava o décimo lugar dentre as hortaliças mais cultivadas no Estado, sendo produzida em larga escala em grandes áreas de plantio e em sua maioria por pequenos agricultores, o que a torna uma cultura de grande importância econômica para a região, com uma produção estimada em 23 mil t ao ano (IBGE, 2023).

No Brasil, a maior finalidade na produção de batata-doce é destinada à alimentação humana por meio da comercialização de suas raízes tuberosas. As raízes secas que não serão comercializadas juntamente com as ramas são trituradas e utilizadas como um componente energético adicionado ao alimento dos ruminantes (EMBRAPA, 2008). No entanto, diversos fatores influenciam negativamente em sua produtividade em nível mundial, um desses fatores são as doenças ocasionadas por uma gama de patógenos que atuam limitando a produção desta cultura no Brasil e no mundo.

2.3 PRINCIPAIS DOENÇAS ASSOCIADAS A BATATA-DOCE

A batata-doce é conhecida pelo seu método de cultivo simples e durável capaz de suportar inúmeras adversidades e por isso em alguns casos o seu cultivo é realizado sem a aplicação de agrotóxicos, sendo um dos fatores que torna esta cultura vulnerável à presença de diversas espécies de fungos, bactérias, nematoides e micoplasmas. Os danos causados à planta por um ou mais desses agentes fitopatogênicos dependem do grau de severidade e da parte da planta que foi afetada (EMBRAPA, 2008).

Inúmeras doenças são disseminadas de uma estação para a outra pela capacidade que muitos micro-organismos possuem de atuar causando diversas formas de infecção, incluindo doenças causadas pela infecção de raízes e ramas, doenças transmitidas pelo solo, doenças foliares e pós-colheita. As variações na susceptibilidade das cultivares e a ocorrência de diversos patógenos nas áreas de cultivo são fatores que favorecem a ocorrência de doenças na batata-doce em cada região e consequentemente as perdas na produção. A batata-doce é uma cultura que é propagada por meio das suas estruturas vegetativas que podem ser: enxertos, videiras, ramas ou tubérculos e muitas vezes os materiais propagativos utilizados em um novo plantio são provenientes do plantio realizado anteriormente. Desse modo, havendo a presença

de patógenos nesses campos de cultivo, a tendência é que esses mesmos patógenos irão estar presentes na nova área de plantio (CLARK et al., 2009).

Dentre os diversos fatores que atuam limitando à produção e comercialização de batata-doce, podem-se destacar as doenças causadas por micro-organismos, pelas inúmeras perdas que podem ocasionar antes e após a colheita. Diferentes patógenos já foram relatados no Brasil e no mundo causando várias doenças nessa cultura como: O vírus do mosqueado da batata-doce (SPFMV), podridão bacteriana do caule (*Pectobacterium chrysanthemi*), murcha de *fusarium* (*Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas*), superbrotamento também conhecido como vassoura-de-bruxa, causado por um fitoplasma do gênero *Phytoplasma*, mal-do-pé (*Diaporthe destruens*), meloidogynose (*Meloidogyne* spp.) (PIO-RIBEIRO et al., 2016) e podridão radicular e das ramas causada por *Macrophomina*, *Lasioidiplodia* e *Neoscytalidium* pertencentes à família Botryosphaeriaceae (DE MELLO et al., 2021).

O grupo dos vírus possui papel de destaque quando se trata de doenças na cultura da batata-doce, algumas espécies de vírus já foram relatadas nesta cultura e estudos apontam que existem interações entre as espécies. A doença mais comum causada por vírus é a causada pelo vírus *Sweet potato feathery mottle vírus* (SPFMV) conhecido como o vírus do mosqueado da batata-doce, cuja principal característica é a formação de um padrão de mosaico no meristema das plantas (PEREIRA et al., 2011). Os principais sintomas apresentados são: diminuição do tamanho das folhas, amarelecimento, indução de rachaduras internas nas estruturas internas e diminuição da planta. A principal maneira de disseminação dessa doença é através de ramas infectadas que serão utilizadas como material propagativo em um novo local de cultivo. Um fator agravante é que as infecções causadas pelo SPFMV podem estar associadas com outros vírus como o *Sweet potato chlorotic stunt virus* (SPCSV) que serão capazes de ocasionar uma coinfeção e intensificar os sintomas causados, podendo ser disseminadas não apenas pelos materiais propagativos como por outros organismos como os insetos, é o caso dos pulgões que irão atuar aumentando a disseminação desta doença, levando o vírus para diversas áreas de cultivo. Para esta doença a principal estratégia de controle é a utilização de ramas sadias no plantio (LOEBENSTEIN et al., 2009).

Dentre as doenças causadas por bactérias a mais comum é a podridão bacteriana do caule e das raízes causada por *Pectobacterium chrysanthemi* conhecido anteriormente como (*Erwinia chrysanthemi*) trata-se de uma doença caracterizada por ocasionar manchas marrons e com aspecto enegrecido por toda a raiz, além de apresentar um forte odor referente a

podridão das raízes que é característico desta doença. O patógeno infecta as plantas por meio de feridas nos tecidos vasculares, os sintomas associados à podridão bacteriana podem surgir em qualquer estágio de desenvolvimento e armazenamento das plantas, ou seja, desde o plantio até o período pós-colheita. Os primeiros sintomas quando observados no campo são caracterizados pela presença de estrias marrons nos tecidos vasculares e manchas escuras no caule (CLARK et al., 2009).

Na pós-colheita os sintomas podem ser brandos e na maioria dos casos serão de difícil observação nas raízes. Nos sintomas mais graves é possível observar a presença de estrias longitudinais marrom-amareladas nas raízes, nesses casos a infecção tem um rápido avanço com a formação de “massas” contendo o agente etiológico que podem escorrer por rachaduras na epiderme dos tubérculos. A princípio a polpa das raízes possui uma coloração normal de uma raiz saudável, com o decorrer do avanço da infecção essa polpa torna-se marrom-acizentada e um odor desagradável é exalado, característico desta doença. O desenvolvimento da doença é favorecido por baixa taxa de oxigênio e altas temperaturas, as infecções podem ser disseminadas por meio de raízes doentes introduzidas em uma nova área de plantação e por meio da utilização de água e equipamentos de colheita contaminados. O controle é realizado principalmente com cuidados ao manejar as raízes a fim de evitar o surgimento de feridas e a utilização de ramas sadias nas áreas de plantio (CLARK et al., 2009).

Os fitoplasmas compreendem um grupo fitopatológico pouco citado, entretanto, possuem sua importância pelas perdas que ocasionam na produção de batata-doce. O fitoplasma do gênero *Phytoplasma* é responsável por uma doença bastante comum, o superbrotamento. A principal atuação desse procarioto na planta é a colonização dos vasos do floema. Essa doença possui uma larga distribuição geográfica, com inúmeras ocorrências registradas no Brasil. Os sintomas iniciais são reconhecidos pela produção de folhas pequenas e com manchas, seguido da produção de brotamentos axilares que promovem o aspecto de superbrotamento com plantas infectadas possuindo baixa estatura, essas plantas podem não sobreviver ou ter a produção reduzida. O período de incubação desta doença é de 50 a 190 dias após a infecção. A disseminação do patógeno dá-se principalmente pelo uso de material propagativo infectado e as principais medidas de controle utilizadas são a termoterapia e a quimioterapia que irão causar remissão dos sintomas durante um a dois anos e a utilização de materiais propagativos sadios (PIO-RIBEIRO et al., 2016).

Os nematoides também compõem um agrupamento de patógenos importantes presentes nesta e em demais culturas. Diversos gêneros e espécies de nematoides já foram associados a batata-doce. Estudos apontam que cerca de dez gêneros e dezessete espécies de nematoides já foram relatados causando doenças nesta cultura. Levantamentos realizados entre os períodos de 1985 a 2006 verificaram que a espécie de nematoide mais frequente nas áreas de cultivo de batata-doce foi a *Rotylenchulus reniformis*, seguido pelos gêneros *Meloidogyne* e *Helicotylenchus*. Os nematóides presentes nas plantas assim como outros patógenos causam enormes perdas para esta cultura no Brasil e no mundo (OVERSTREETET, 2009). No Brasil a doença mais comum causada por nematoides é a Meloidoginose causada por espécies do gênero *Meloidogyne*, que possui como principais sintomas observados em campo plantas com menor estatura, apresentando raízes finas e com malformações em sua estrutura além da presença de rachaduras longitudinais que irão depreciar o produto destinado à comercialização, na parte aérea é possível observar a murcha e amarelecimento das folhas. As principais medidas de controle para esta doença são a utilização de variedades resistentes e materiais propagativos sadios. No Brasil, as principais variedades utilizadas a fim de se evitar o aparecimento desta doença são: Brazlândia roxa, Brazlândia rosada e Coquinho (PIO-RIBEIRO et al., 2016).

Apesar de ser afetada por diferentes grupos de microrganismos, sabe-se que os fungos por sua vez representam o maior grupo de patógenos para esta cultura, sendo responsáveis por diversas doenças que afetam várias partes da planta e que podem causar a sua morte principalmente por ocasionar a podridão de ramas e raízes. Os fungos atuam negativamente na produção da cultura da batata-doce, onde são responsáveis por causar sintomas nas plantas que podem variar desde murcha nas folhas a morte das plantas (EMBRAPA, 2008).

2.4 PRINCIPAIS DOENÇAS RADICULARES E DAS RAMAS CAUSADAS POR FUNGOS

Os patógenos radiculares também são conhecidos por fitopatógenos habitantes do solo, assim chamados quando passam a maior parte do seu ciclo de vida nesse habitat. Possuem a capacidade de sobreviver no solo por um longo período de tempo, mesmo na ausência do seu hospedeiro. A maioria dos patógenos habitantes do solo possui elevada capacidade de competição e são capazes de sobreviver em resíduos de plantas presentes no solo por muito tempo, mesmo depois de longos períodos de realização de rotação de culturas (MICHEREFF et al., 2005).

Os fungos representam o maior grupo de fitopatógenos habitantes do solo e possuem grande destaque quando se trata de doenças da cultura da batata-doce. Apesar da capacidade de afetar diversas partes da planta, as principais doenças envolvendo esse grupo de agentes etiológicos nesta cultura são as podridões radiculares e das ramas. As doenças radiculares causadas por fungos ocorrem em diferentes sistemas agrícolas e em diversas espécies hospedeiras, podendo ocasionar uma variada gama de sintomas. Sabe-se que os fungos possuem a capacidade de permanecer presentes em resíduos de plantas infectados por um longo tempo e que podem ser disseminados para outras localidades. Os fungos podem utilizar diversos mecanismos a fim de estabelecer sua permanência do solo, mesmo sem a presença de hospedeiros, o principal mecanismo conhecido é a produção de estruturas de resistência como os clamidósporos que podem permanecer latentes no solo esperando o surgimento de condições favoráveis para o seu desenvolvimento (MICHEREFF et al., 2005).

Nessas doenças, as raízes das plantas são afetadas e os tecidos radiculares tornam-se necróticos e geralmente morrem. O sistema radicular inteiro da planta hospedeira ou somente uma pequena área próxima ao local de penetração do patógeno pode tornar-se infectada. Muitas podridões radiculares e das ramas causam a morte rápida da planta, enquanto outras causam somente sintomas leves e têm impacto mínimo no seu desenvolvimento. Os patógenos causadores de podridões radiculares normalmente atuam em seus hospedeiros utilizando substâncias enzimáticas que serão essenciais no processo de infecção. Por conta da quantidade de mecanismos que os fungos desenvolveram para sua permanência no solo torna-se praticamente impossível a sua eliminação das áreas de cultivo (WHEELER E RUSH, 2001).

As raízes e as ramas consistem em estruturas vitais para o desenvolvimento da planta. A raiz pela sua função de retenção de água e sais minerais do solo e que serão utilizadas por toda a planta e as ramas que são utilizadas como o principal método propagativo desta cultura (EMBRAPA, 2008). Desse modo, devido a sua vital importância para a manutenção das plantas, as doenças que afetam essas estruturas são consideradas graves e de grande importância. A presença desses patógenos em produtos agrícolas após a colheita pode produzir diversos efeitos que depreciam a qualidade das raízes, como podridões que provocam alterações na consistência e no sabor, manchas que afetam o aspecto visual e presença de micotoxinas que muitas vezes não são observadas, todos esses fatores tornam os tubérculos inviáveis ao consumo humano (CHITARRA E CHITARRA, 2005).

Diversas espécies de fungos atuam causando podridões das raízes e ramas no campo, além de podridões pós-colheita, produzindo manchas e podridões nas raízes tuberosas. Na cultura da batata-doce já foram relatadas podridões das raízes causadas por *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas* responsável pela Murcha de *Fusarium*, *Neocosmospora solani* (*Fusarium solani*) causador da podridão da raiz, *Diaporthe destruens* (*Plenodomus destruens*) agente causal do mal-do-pé, *Rhizopus* sp. ocasionando a podridão mole das raízes, *Ceratocystis fimbriata* responsável pela podridão negra da batata-doce, *Monilochaetes infusans* agente causal da sarna da batata-doce (CLARK et al., 2009) e podridão de raízes e ramas de batata-doce causada por *Macrophomina*, *Lasiodiplodia* e *Neoscytalidium* (DE MELLO et al., 2021). Essas doenças são responsáveis por grandes perdas na produção e geralmente acometem as raízes na etapa de armazenamento, onde o manejo dos produtos agrícolas destinados à comercialização é mais elevado (EMBRAPA, 2008).

2.4.1 Murcha de *Fusarium* (*Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas*)

A murcha de *Fusarium* é uma doença que ocorre em grande parte das áreas de cultivo de batata-doce no Brasil e no mundo. O principal agente etiológico desta doença é *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas* que sobrevive nos materiais propagativos da batata-doce, que consistem, assim, em uma fonte para a disseminação da doença. Outros fatores como contaminação na água de irrigação e implementos agrícolas, também favorecem a disseminação da doença (PIO-RIBEIRO et al., 2016). O fungo possui como características morfológicas: presença de macroconídios fusiformes e hialinos em esporodóquios, e microconídios elipsoides hialinos presentes em monofiálides curtas formadas no micélio aéreo. O fungo pode produzir clamidósporos, fator que lhe confere resistência e permanência duradoura em áreas de cultivo (LESLIE & SUMMERELL, 2006). A resistência conferida a essas estruturas de resistência (clamidósporos) é em decorrência de sua estrutura formada por parede espessa de células, atuando contra fatores externos, especialmente quando não existem condições favoráveis a sua germinação (STOVER, 1962).

Os principais sintomas apresentados pelas plantas infectadas são evidenciados pelo amarelecimento das folhas mais velhas e morte da planta nos casos mais severos, descoloração de ramas e caules podendo apresentar posterior escurecimento do sistema vascular. Nos estágios mais graves da doença todo o caule pode apodrecer e apresentar em sua superfície conídios agrupados em esporodóquios. Em alguns casos as plantas infectadas conseguem sobreviver, contudo, as suas raízes permanecem infectadas e apresentam descoloração. As principais medidas de controle para essa doença consistem na utilização de

materiais propagativos saudáveis e estabelecimento da rotação de cultura na área de plantio (PIO-RIBEIRO et al., 2016).

2.4.2 Podridão da raiz (*Neocosmospora solani*)

A podridão da raiz e do caule possui como agente etiológico a espécie habitante do solo *Fusarium solani* (Atualmente *Neocosmospora solani*). Na batata-doce esse fungo é responsável por causar podridão nas raízes e ramas e a manifestação da doença pode ocorrer durante todo o ciclo de cultivo desta cultura, todavia, o aparecimento dos sintomas é mais comum no período de armazenamento das raízes tuberosas. Durante o período de armazenamento, as raízes podem apresentar uma podridão seca, fato este que pode ser explicado pela inadequação do manejo dessas raízes nesta etapa, que pode favorecer o surgimento de feridas e facilitar a entrada do patógeno no hospedeiro. As lesões ocasionadas por *F. solani* são necróticas, de coloração marrom-clara na parte externa das raízes e quando realizados cortes transversais em casos mais graves é possível observar a presença de lesões internas em estágios posteriores recobertas pelo micélio branco do fungo que podem se estender até o centro da raiz (CLARK et al., 2009).

O fungo possui capacidade de se desenvolver por meio da utilização de materiais propagativos infectados e causar protuberâncias no caule das novas plantas. De uma forma geral, conforme mencionado sobre *F. oxysporum* f. sp. *batatas*, as espécies fusarioides podem permanecer no solo por longos períodos, sendo uma das principais estratégias utilizadas por esses fungos a formação de estruturas de resistência como os clamidósporos que permanecem intactos no solo, esperando o surgimento de condições favoráveis ao seu desenvolvimento. A principal medida de controle é a utilização de materiais propagativos saudáveis (EMBRAPA, 2008; CROUS et al., 2021).

2.4.3 Mal-do-pé (*Diaporthe destruens*)

O mal-do-pé é uma doença causada pelo fungo *Diaporthe destruens* (= *Phomopsis destruens*, *Plenodomus destruens*) (BOEREMA et al., 1996). Essa doença é caracterizada pela presença de lesões necróticas que surgem primeiramente no caule com a formação de pequenos pontos escuros que aumentam gradativamente se espalhando pelo caule até tomar toda a base da planta, que fica com aspecto enegrecido. Sua disseminação acontece como fontes primárias de inóculo, ramas contaminadas oriundas de lavouras doentes ou aparentemente saudáveis ou ainda obtidas em viveiros contaminados. Como consequência desta infecção, frequentemente ocorre a murcha das folhas e morte da planta (HUANG et al., 2021).

A identificação desta doença pode ser realizada através da presença de folhas em estágio de amarelecimento que se encontrem próximas ao caule. A doença geralmente é implementada nas áreas de plantio devido à utilização de mudas ou solo contaminados e pode aparecer ainda no campo ou posteriormente na pós-colheita (PIO-RIBEIRO et al., 2016).

O mal-do-pé é uma das doenças radiculares mais comuns e mais agressivas que acometem a cultura da batata-doce, fator determinante para as inúmeras perdas que ocasiona, sendo capaz de tornar o cultivo inviável em uma determinada área por muitos anos, devido à presença do patógeno no solo (PEREIRA et al., 2011). *Diaporthe destruens* possui como características morfológicas a presença de picnídios escuros, que são produzidos de forma isolada ou agrupada com formato que pode variar de arredondado a irregular. Os conídios que são produzidos dentro dos picnídios são hialinos unicelulares e medem cerca de 7-10 x 3-4 µm (HUANG et al., 2021). O controle desta doença é realizado principalmente utilizando ramas e raízes sadias no plantio, rotação de culturas e desinfestação de ramas com fungicida a base de Thiabendazole (EMBRAPA, 2008).

2.4.4 Podridão mole (*Rhizopus* spp.)

A podridão mole é causada por espécies pertencentes ao gênero *Rhizopus* e são comumente encontrados no solo em fase saprofítica. A respeito da cultura da batata-doce esta é uma das doenças pós-colheita mais conhecidas e de maior importância e esse nome dá-se pelo aspecto característico amolecido que as partes afetadas apresentam. O agente etiológico é caracterizado por produzir zigósporos em seu ciclo sexual, os seus esporangiósporos, na fase assexual, são facilmente disseminados pelo ar podendo se depositar na superfície das raízes onde germinam e penetram apenas pela presença de ferimentos que geralmente são ocasionados através do manejo inadequado das raízes durante a colheita e armazenamento (PANG et al., 2021).

Embora as espécies *R. stolonifer* e *R. arrhizus* sejam os agentes causais desta doença, a espécie *R. stolonifer* é mais frequente e mais virulenta. O mecanismo de ação do fungo nas raízes consiste na produção de uma massa de esporos pretos que recobre toda a superfície da raiz e liberação de metabólitos secundários que degradam o tecido radicular causando a desintegração das células e causando a podridão mole das raízes. O fungo libera esporos na superfície radicular que possuem a capacidade de transformar as raízes em massas aquosas em um curto prazo de tempo. O forte odor doce ocasionado pela transformação das raízes em uma massa aquosa serve de atrativo para moscas das frutas. O período em que esta doença

pode ser mais destrutiva é no processo de armazenagem final quando ocorre o processo de embalagem para posterior transporte, onde as raízes após o manuseio ficam empilhadas e lacradas por um longo período de tempo até chegar ao seu destino final. As principais medidas de controle são aplicação de fungicida eficaz, manejo adequado das raízes na etapa de armazenamento e uso de cultivares resistentes (PANG et al., 2021).

2.4.5 Podridão negra da batata-doce (*Ceratocystis fimbriata*)

A podridão negra da batata-doce foi relatada pela primeira vez na China, mas possui ampla distribuição em todo o mundo. O fungo *Ceratocystis fimbriata* é um patógeno que acomete diversas culturas causando murchas em várias espécies, entretanto, sabe-se que esse patógeno não tem capacidade de permanecer no solo por mais de dois anos sem a presença de um hospedeiro. As principais características morfológicas do fungo são: ascósporos em forma de “chapéu”, peritécio escuro e globoso, podendo apresentar clamidósporos (LIU et al., 2023).

O fungo *C. fimbriata* é responsável por causar lesões secas e enegrecidas nas raízes da batata-doce deixando-as com um mau cheiro característico e um sabor amargo, também pode ocasionar a murcha, atrofia e amarelecimento das folhas de plantas infectadas. A ocorrência da podridão negra é maior durante o processo de armazenamento onde as raízes ficam mais suscetíveis a penetração do fungo, os esporos atingem a superfície radicular das plantas, se espalhando e causando lesões enegrecidas em suas raízes, podendo afetar outras estruturas da planta culminando com a sua morte (LIU et al., 2023). As principais medidas de controle são manejo adequado das raízes na etapa de armazenamento e uso de cultivares resistentes (EMBRAPA, 2008).

2.4.6 Sarna da batata-doce (*Monilochaetes infuscans*)

A sarna da batata-doce é uma doença bastante comum responsável pela depreciação das túberas dessa espécie durante o armazenamento e já foi relatada em várias localidades do mundo. O fungo responsável por causar esta doença é o *Monilochaetes infuscans*, que possui como características morfológicas conídios unicelulares, hialinos, ovóides a oblongos (HARTER E WEIMER 1929). O fungo causa manchas escuras e espaçadas pela estrutura da raiz, embora a polpa da raiz não seja afetada, é uma doença de grande importância por desvalorizar o aspecto visual das raízes (PEREIRA et. al., 2011).

A sarna da batata-doce é uma doença restrita a partes subterrâneas da planta e geralmente acometem raízes (túberas) no período de armazenamento causando manchas marrons

arroxeadas superficiais, porém, a infecção surge no período da colheita e se intensifica durante o período pós-colheita, sendo a intensificação desse processo infeccioso decorrente do manejo inadequado das raízes no armazenamento. Quando as lesões atingem grande parte da superfície das raízes aumenta a perda de água e consequente causam murcha dessas raízes. O patógeno possui crescimento lento e infecta apenas a epiderme das raízes, desse modo, fatores como maior quantidade de matéria orgânica no solo e a utilização de ramas doentes no cultivo favorecem a sua permanência no solo. As principais medidas de controle são manejo adequado das raízes na etapa de armazenamento e uso de cultivares resistentes (CLARK et al., 2009).

Neste contexto, diante da elevada incidência de podridões radiculares e das ramas na cultura de batata-doce, as doenças ocasionadas pelas espécies pertencentes ao gênero *Fusarium* merecem destaque, quando levamos em consideração que as medidas de controle utilizadas além de não serem eficazes também são consideradas de difícil implementação (SUMMERELL E LESLIE, 2011).

2.5 ASPECTOS GERAIS DO GÊNERO *FUSARIUM* E SUAS INTERAÇÕES

O gênero *Fusarium* (Ascomycota, Nectriaceae) foi descrito inicialmente por Link em 1809 como *Fusisporum*. Os indivíduos descritos inicialmente para este gênero eram reconhecidos pelos seus caracteres morfológicos principais: esporos de formato fusiforme, septados e com presença de estroma (SUMMERELL E LESLIE, 2011). As espécies de *Fusarium* estão presentes predominantemente no solo e em substratos orgânicos e podem ser encontradas principalmente nas formas: fitopatogênica, endofítica e saprófita (CAI et al., 2011).

Espécies deste gênero possuem grande adaptabilidade aos mais diversos tipos de solo e desse modo encontram-se distribuídas amplamente em diferentes regiões. Por apresentarem grande abundância em solos cultivados são os fungos isolados com maior frequência pelos fitopatologistas, associados a doenças em diversas plantas. Assim como diversos outros fungos habitantes do solo, as espécies de *Fusarium* possuem alguns mecanismos de sobrevivência que lhes conferem maior adaptabilidade e durabilidade nos locais onde estão introduzidos. A utilização de uma resposta rápida nos aspectos morfológicos e fisiológicos para cada ambiente ao qual estão presentes tem sido o principal mecanismo utilizado por esses fungos, dessa maneira eles possuem a capacidade de sobreviver em uma ampla gama de substratos e hospedeiros (SUMMERELL, 2019).

Ao longo de toda a história do gênero *Fusarium*, que já compreende mais de 200 anos de estudos realizados, as espécies pertencentes a esse gênero são geralmente associadas a interações patogênicas com numerosas espécies de plantas. Devido a essas interações, o gênero *Fusarium* é amplamente conhecido pelos seus representantes atuando como patógenos em diferentes espécies vegetais, sendo tomate, manga, cucurbitáceas, milho, trigo e banana exemplos de algumas culturas de grande importância econômica afetadas por esses fungos (SUMMERELL, 2019).

O grande destaque das interações patogênicas entre espécies de *Fusarium* e as plantas deve-se também ao fato da comprovação por meio de levantamentos realizados por diversos grupos de pesquisadores que indicam que em pelo menos 80% das espécies de plantas cultivadas no mundo uma doença causada por *Fusarium* já foi relatada (LESLIE E SUMMERELL, 2006). As infecções causadas por espécies de *Fusarium* em hospedeiros cultiváveis geralmente resultam em reduções substanciais do rendimento das safras devido à agressividade da maioria dos patógenos e severidade na apresentação dos sintomas. Todos esses fatores contribuem para que ocorram grandes perdas econômicas em culturas de importância agrícola (UHLIG et al., 2007).

Esses fungos são responsáveis por causar diversos tipos de doenças e alguns são capazes de ocasionar duas ou mais simultaneamente em um mesmo hospedeiro como, por exemplo, murchas vasculares, apodrecimento de sementes e grãos e podridões do caule, raiz e cancrios. Alguns exemplos de hospedeiros relatados recentemente acometidos por essas doenças são: Podridão do rizoma do açafrão ocasionados por múltiplos patógenos incluindo: *F. graminearum* (*Gibberella zeae*), *F. verticillioides* e *F. solani* (CHENNIAPPAN et al., 2020); murcha de *Fusarium* no tomateiro ocasionada por *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* (CUCU et al., 2020); podridão de sementes de hissopo (*Hyssopus officinalis*) na Sérvia, provocado pela espécie *F. proliferatum* (IGNJATOV et al., 2020); podridão radicular da soja promovido por um grupo patogênico de espécies de *Fusarium*, dentre os quais: *F. graminearum*, *F. acuminatum*, espécies do complexo *F. oxysporum*, *F. armeniacum*, *F. proliferatum*, *F. virguliforme*, espécies do complexo *F. incarnatum-equiseti* (*F. nanum*), *F. bulbicola* (complexo de espécies *F. fujikuroi*) e *F. commune* (OKELLO et al., 2020); podridão do cancro de amendoeiras causado por *F. solani* na Grécia (MARKAKIS et al., 2021); murcha da pimenteira ocasionada por *F. equiseti* no Himalaia (HAMI et al., 2021).

Dentre os patógenos responsáveis por causar as doenças em plantas, as espécies pertencentes ao complexo *F. oxysporum* merecem notoriedade por serem os grandes responsáveis por grande parte das murchas vasculares. Em virtude do grande número de espécies associadas a este complexo, uma nomenclatura específica é utilizada para indicar que um grupo de isolados está associado a doenças em um conjunto específico de hospedeiros, na patologia esse termo é conhecido por *formae speciales* (SUMMERELL, 2019).

Além da agressividade dos patógenos, a limitação na implementação de medidas de controle eficientes para esses fungos torna o cenário ainda mais grave (SUMMERELL E LESLIE, 2011). Embora as medidas de controle para as doenças causadas por fungos do gênero *Fusarium* seja em sua maioria de difícil implementação, medidas como rotação de culturas, utilização de variedades resistentes no plantio e redução de resíduos dos hospedeiros e hospedeiros alternativos ao final do cultivo auxiliam na redução dessas doenças (SUMMERELL, 2019). Outro fator que corrobora com a atuação muitas vezes devastadora da presença desses fungos em sistemas agrícolas é a capacidade que a maioria dos indivíduos tem de produzir metabólitos secundários como as micotoxinas. Enquanto algumas espécies são mais patogênicas, outras se destacam na produção das micotoxinas (OSBORNE E STEIN, 2007). As espécies de *Fusarium* são responsáveis pela produção de três grupos de micotoxinas de grande importância, fumonisinas, tricotecenos e zearalenonas (SUMMERELL E LESLIE, 2011).

Apesar de serem amplamente associados como patógenos vegetais, estudos com plantas em solos nativos sugerem que o número de espécies não associadas com doenças pode exceder e muito as que são conhecidas como fitopatogênicas (SUMMERELL, 2019). Diante deste cenário, as interações endofíticas desses fungos também têm sua importância e merecem ser citadas a fim de que se tenha maior conhecimento de sua ocorrência. Os fungos endofíticos compreendem organismos bastante diversificados com ocorrência em tecidos vegetais de forma assintomática em pelo menos uma fase do seu ciclo de vida. A nomenclatura de fungo endofítico foi originalmente utilizada por De Bary em 1866 e se referia a qualquer micro-organismo que fosse capaz de viver no interior dos tecidos das plantas, podendo ser diferenciados dos epifíticos que vivem sobre a superfície das plantas. Ao longo dos anos muitas definições foram propostas a fim de esclarecer a interação desses fungos com as plantas (GALVAGNO et al., 2010). Uma definição amplamente aceita pelos pesquisadores que trabalham com fungos endofíticos é a estabelecida por Bacon e Write que determina que fungos endofíticos são microrganismos que colonizam os tecidos internos das

plantas sem causar prejuízos imediatos em seu hospedeiro e que penetram nos tecidos das plantas por meio de aberturas naturais como os estômatos (KHARWAR et al., 2011). No entanto, especula-se que espécies fitopatogênicas podem sobreviver nesse estado endofítico no hospedeiro até que surja uma condição favorável para iniciar a patogênese, como estresse abiótico ou ferimento das plantas (KEDERA et al., 1992; BACON E YATES 2006; BACON et al., 2008).

Esses fungos ocorrem em todo território terrestre, seja em áreas naturais ou antropizadas em praticamente todas as regiões (ARNOLD et al., 2007). Estudos indicam que dos diversos fungos endofíticos que podem ser isolados de uma planta, pelo menos um é específico ao hospedeiro (TAN et al., 2001). Apesar do foco dos estudos de *Fusarium* ser em relação a suas interações como patógenos vegetais, diversos estudos foram realizados focando o isolamento e as aplicações no controle biológico e na biotecnologia de isolados endofíticos desse gênero. Como exemplo de alguns estudos envolvendo esses fungos na sua forma endofítica podemos citar alguns trabalhos como: detecção de isolados endofíticos de *F. equiseti*, *F. oxysporum*, *F. solani*, *F. anthophilum*, *F. sporotrichioides* e *F. verticillioides* (*F. moniliforme*) em sementes de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) (RODRIGUES et al., 2002). A utilização de isolados de *F. solani* na produção de enzimas (SHWETA et al., 2010). O estudo das interações fúngicas de isolados endofíticos de *F. verticillioides* em milho (*Zea mays*) (BACON et al., 2019) e isolados de *Fusarium* atuando como fonte de metabólitos bioativos (TOGHUEO et al., 2020). Contribuições taxonômicas também têm sido viabilizadas com o estudo de fungos endofíticos, incluindo a descoberta e descrição de novas espécies de *Fusarium* a partir de isolados encontrados como endofíticos (WALSH et al., 2010; GARGOURI et al., 2020; CAVALCANTI et al., 2020).

Além de patógenos vegetais, parasitas e endofíticos, espécies de *Fusarium* já foram relatadas como agentes patogênicos em humanos, ocorrendo principalmente em pessoas que se encontram com o sistema imunológico com algum tipo de debilitação (VAN DIEPENINGEN et al., 2014). Essas infecções podem variar de superficiais que são bastante comuns, como as onicomicoses e queratite, a disseminadas que atingem todo o organismo e que possuem alta taxa de letalidade em pacientes gravemente imunocomprometidos (WANG et al., 2011).

A utilização de *Fusarium* como um organismo modelo para diversos estudos ao longo de tantos anos deve-se principalmente ao fato da complexidade que envolve o gênero e a

percepção da sua variabilidade e adaptabilidade bem como do impacto social que causam em inúmeros sistemas agrícolas pela ocorrência de doenças e produção de micotoxinas (SUMMERELL E LESLIE, 2011).

2.6 CONCEITOS DE ESPÉCIES ADOTADOS NA TAXONOMIA DO GÊNERO *Fusarium*

A necessidade do estabelecimento de uma nomenclatura para um novo patógeno vegetal é uma tarefa em sua maioria de difícil execução que envolve fitopatologistas, taxonomistas e micologistas, sendo necessário reconhecer quando se trata de uma espécie que nunca foi descrita e quando se deve aplicar um nome já existente (CAI et al., 2011). A utilização de nomenclaturas precisas e não ambíguas para fungos fitopatogênicos é de suma importância na elaboração de políticas sociais e comerciais e desenvolvimento de medidas de biossegurança (HYDE et al., 2010). Além de facilitar o reconhecimento de patógenos vegetais agressivos inseridos em uma produção agrícola, permitindo o rápido reconhecimento das doenças que ocasionam e o uso de medidas de controle eficazes (ROSSMAN E PALM-HERNÁNDEZ et al., 2008).

O reconhecimento de espécie em *Fusarium* é fundamentado em bases que têm se mantido estáveis em sua maioria com as publicações de Gerlach e Nirenberg (1982) e Nelson et al (1983) no início dos anos 80. Os critérios estabelecidos nesses trabalhos, embora baseados em grande parte na abordagem morfológica, é capaz de resistir ao acréscimo dos conceitos biológicos e filogenéticos. É fato de que nessas bases ainda existem algumas deficiências quando se reconhece que muitas das espécies estabelecidas não correspondem a um grupo monofilético e a utilização de um nome comum para diferentes patógenos importantes tem dificultado a identificação dos mesmos (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

Em se tratando do gênero *Fusarium* e de outros gêneros conhecidos, sabe-se que os caracteres morfológicos são essenciais para a identificação e determinação de espécies fúngicas. Esses caracteres são tão importantes que foram responsáveis pela definição do gênero e de suas primeiras espécies que foram baseadas apenas no conceito morfológico de espécie, que ainda permanece importante para o grupo, embora não seja necessariamente definitivo para a resolução das problemáticas atuais (LESLIE E BOWDEN, 2008). Tendo em vista que a utilização apenas do reconhecimento morfológico de espécies pode levar a erros taxonômicos quando levamos em consideração a alta variabilidade morfológica e fisiológica observada em *Fusarium*, em função da sua capacidade de variar em resposta às condições

ambientais e da grande plasticidade genética atribuída a esses fungos (LESLIE, ZELLER E SUMMERELL, 2001).

Em meados dos anos 70 houve o primeiro indicativo da adição de um novo conceito para identificação de espécies do gênero. A utilização do conceito biológico para espécies de *Fusarium* teve o seu início com a descrição de populações de acasalamento conhecidas como espécies biológicas para *F. solani* (MATUO E SNYDER, 1973) e *F. moniliforme* (HSIEH et al., 1977). Ainda com o uso do conceito biológico em 1977 com a publicação de Klittich et al (1997) houve o reconhecimento de uma espécie desconhecida, *F. thapsinum*, que apresentava diferenças na sua capacidade de acasalamento (SUMMERELL E LESLIE, 2011). As populações de acasalamento surgem como uma alternativa para contornar as dificuldades que surgem quando organismos biológicos distintos são morfológicamente muito semelhantes um ao outro. Este cenário é bastante comum na Seção de Liseola do gênero *Fusarium* (NIRENBERG E O'DONNELL, 1998).

A partir de 1998 com a realização de novas abordagens referentes à taxonomia de *Fusarium* com o aumento dos caracteres morfológicos observados na definição de espécies, bem como a intensificação do uso de ferramentas moleculares com base no sequenciamento dos genes para a identificação das mesmas, foi possível confirmar com a exploração de novos ecossistemas, que espécies consideradas como “bem estabelecidas taxonomicamente” tratavam-se na verdade de complexos de espécies. O resultado da utilização destas ferramentas foi a proliferação de novas espécies descritas (SUMMERELL, 2019). A efetivação do conceito filogenético associado ao conceito biológico e o morfológico foi de fundamental importância para o gênero possibilitando a descrição de espécies pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium fujikuroi* (NIRENBERG E O'DONNELL, 1998), visto que a fase sexuada é conhecida apenas para um quinto das espécies dentro do complexo *F. fujikuroi*. O desenvolvimento de um conceito robusto de espécie filogenética para essas espécies baseada em dados de sequência de DNA é essencial para investigar aspectos fundamentais de sua biologia (O'DONNELL et al., 2000).

Diante do que foi exposto é de fundamental importância a combinação dos conceitos morfológicos, biológicos e filogenéticos sempre que possível quando se trata de espécies de *Fusarium*. Sendo necessária a implementação de uma abordagem polifásica com a utilização de pelo menos dois tipos de conceitos para a identificação e ou descrição mais acurada de espécies (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

2.6.1 Conceito de espécie morfológico e suas aplicações

A morfologia é a abordagem clássica usada por micologistas ao longo de muitos anos. Nessa perspectiva, as unidades são definidas com base nos caracteres morfológicos e nas diferenças apresentadas por cada espécie. Idealmente, para que uma espécie seja classificada é necessário que haja um consenso acerca da sua definição. Sabe-se que a determinação de uma conformidade universal para a definição de espécies está distante da realidade atual, principalmente quando levamos em consideração que o conceito de espécie adotado por diferentes micologistas pode variar amplamente e que existem diferentes abordagens em seu delineamento.

O conceito morfológico de espécies tem como alicerce a proposta de que as características baseadas nos indivíduos é capaz de representar todas as variações que ocorrem dentro da mesma espécie. Pode-se destacar como o maior ponto forte desse conceito a possibilidade de sua aplicação a qualquer táxon fúngico (TAYLOR et al., 2000). Os critérios morfológicos usados para a diferenciação de espécies do gênero *Fusarium* são compostos por caracteres morfológicos e caracteres fisiológicos. Uma das grandes problemáticas que envolvem a caracterização morfológica dessas espécies dá-se pelo fato de que a quantidade de caracteres detectáveis visualmente é baixa quando comparada a quantidade elevada de espécies que necessitam ser distinguidas pelos mesmos. Caracteres morfológicos muito utilizados e considerados de grande valor taxonômico em *Fusarium* consistem no tamanho e forma dos macronídios e formação de esporodóquios. Todavia, sabe-se que essa avaliação pode ser subjetiva, pois, o tamanho e forma desses macroconídios podem variar de acordo com o ambiente e as condições as quais estão inseridos. Além do aspecto morfológico dos macroconídios, a presença ou ausência de microconídios e clamidósporos também são caracteres morfológicos importantes para a definição das espécies (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

Com o decorrer dos anos foi possível observar algumas mudanças no que se refere aos caracteres morfológicos usados para identificação das espécies de *Fusarium* e sua nomenclatura. Atualmente, os principais caracteres morfológicos produzidos em meio de cultura artificial utilizados para diferenciar as espécies estão relacionados com a forma e o tamanho de conídios que podem ser produzidos em esporodóquios ou em micélio aéreo, morfologia das células conidiogênicas e a presença ou ausência de clamidósporos (LESLIE E SUMMERELL, 2006). Dependendo da espécie de *Fusarium* em questão, elas são capazes de produzir um ou todos os esporos assexuais que podem ser: conídios curvos com septos

transversais, os “macroconídios”, que podem ser produzidos a partir de esporodóquios, conídios menores apresentando várias formas e septações, os “microconídios ou mesoconídios” formados em células conidiogênicas com uma ou mais aberturas que são as células conidiogênicas monofialídicas e polifialídicas respectivamente e por fim os clamidósporos produzidos em hifas ou conídios, isolados ou em pares, agrupamentos e cadeias (GEISER et al., 2013). Diante da amplitude dos tamanhos observada nos conídios produzidos por *Fusarium* que variam de acordo com as condições ambientais, as definições de macro e microconídios tornaram-se cada vez mais menos usuais na taxonomia do gênero (LESLIE E SUMMERELL, 2006).

Os caracteres fisiológicos mais aplicados estão relacionados com a produção de micotoxinas, produção de outros metabólitos secundários, coloração das culturas, taxa e padrões de crescimento. Dentre estes, a taxa e padrões de crescimento e coloração das culturas são os mais comuns por serem considerados processos de execução mais simples na rotina de laboratório (LESLIE E SUMMERELL, 2006).

Acerca dos processos de identificação de *Fusarium*, é importante ressaltar a necessidade do isolamento ou a realização do subcultivo de apenas um conídio da espécie, esse procedimento irá garantir que apenas uma única cepa esteja sendo examinada. Após o isolamento, a etapa de cultivo dessa cultura é muito importante quando analisamos a quantidade de meios de cultura naturais e artificiais que existem para *Fusarium*. Essa diversidade de meios de cultura é fundamental para auxiliar na indução dos caracteres morfológicos necessários para a identificação das espécies, bem como a análise dos padrões de crescimento e a observação da heterogeneidade das colorações das culturas em cada meio de cultura selecionado. As espécies de *Fusarium* geralmente possuem temperatura ótima de crescimento que varia entre 25°C e 30°C, sabendo disto pesquisadores utilizam esse intervalo de crescimento como um critério para diferenciar espécies (BURGESS et al., 1994). Sabe-se que as espécies de *Fusarium* apresentam variações morfológicas quando inseridas em meios de cultura distintos e por isso a uniformidade do meio de cultura e de fatores ambientais como a temperatura de incubação para as mesmas cepas é fundamental a fim de padronizar essas culturas (LESLIE E SUMMERELL, 2006).

Apesar das insuficiências referentes às variações de caracteres morfológicos e fisiológicos apresentadas nas culturas de *Fusarium* quando expostas a diferentes condições ambientais e a alta taxa de variabilidade da espécie, a aplicação dos critérios morfológicos

certamente permanecerá fundamental na identificação das espécies de *Fusarium*, devido a sua história taxonômica, a utilização generalizada por muitos pesquisadores e a necessidade prática de identificar muitas culturas de *Fusarium* nas rotinas de laboratório (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

2.6.2 Conceito de espécie biológica e suas aplicações

Ao longo dos anos, definições foram propostas na tentativa de padronizar o conceito de espécies biológicas para fungos. Um dos conceitos mais abrangentes para essas espécies foi proposto por Mayr (1940) que declara “as espécies como grupos de populações que realmente ou potencialmente se cruzam”. A partir da formulação deste conceito Mayr (1963) reuniu as propriedades mais abrangentes às espécies biológicas a fim de definir um conceito mais amplo, baseado na proposta de que os caracteres comuns dentro de uma mesma espécie são mais importantes do que a diferença entre elas, bem como as populações que se encontram em oposição precisam delimitar a extensão da variação dentro das espécies e a presença da infertilidade por parte de indivíduos dentro de uma mesma população não é considerado um critério absoluto para subdividir espécies (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

Baseado na proposta inicial de Mayr (1940) que define as espécies biológicas como populações que possuem a capacidade de realizar cruzamentos, os fungos possuem essa capacidade por meio da realização de reprodução sexual, que possui como etapas do processo o acasalamento (*mating*) e a meiose. A nomenclatura empregada para definir o sistema de cruzamento entre fungos é denominada *mating type*, que possui como mecanismo essencial a existência de um *loco* MAT e dois idiomorfos diferentes e complementares, *MAT-1* e *MAT-2*. O fator que torna os fungos sexualmente compatíveis é a presença de sequências genéticas específicas em um e a ausência no outro indivíduo. Nas espécies de ascomicetos autoestéreis ou heterotáticos, o cruzamento só será possível em dois indivíduos geneticamente opostos, *MAT-1* e *MAT-2* (LESLIE E SUMMERELL, 2006).

Os isolados heterotáticos podem ser considerados compatíveis ou não compatíveis. Esses isolados são considerados compatíveis quando se relacionam para formar a fase sexual que irá resultar na formação de peritécios férteis, com produção de ascósporos e são considerados incompatíveis quando não são capazes de formar estruturas sexuais ou as que se formam não são férteis (LESLIE E SUMMERELL, 2006; O’ DONNELL, 2000). Em suma, o conceito de espécie biológica ou *mating population* (MP) é determinado a partir de cruzamentos que serão férteis entre indivíduos que fazem parte de uma mesma MP e de gerar esterilidade quando

cruzados com membros de MPs diferentes. Esse conceito é fundamental no auxílio das limitações que surgem na identificação, principalmente quando espécies biológicas distintas possuem caracteres morfológicos similares (LESLIE, 1995).

Com o intuito de facilitar a aplicação do conceito biológico, técnicas de reação em cadeia da polimerase, *polymerase chain reaction*, (PCR) foram desenvolvidas para facilitar a determinação dos *mating types*, evitando o trabalho incessante das tentativas de acasalamento em laboratório (COVERT et al., 1999).

Um exemplo prático da relevância da aplicação deste conceito, é o uso dessas espécies biológicas para diferenciar espécies que estão inseridas em grandes complexos, é o caso do complexo *F. fujikuroi*, previamente considerados na seção Liseola de *Fusarium*. A partir do emprego desse conceito e com a utilização de marcadores moleculares, como as sequências de DNA, foi possível estabelecer a descrição de oito novas espécies inseridas neste complexo (LESLIE E SUMMERELL, 2001). Baseados na aplicação do conceito biológico, estudos relacionados com a genômica da produção do peritécio em *Fusarium* têm sido realizados com frequência utilizando principalmente a espécie *F. graminearum* como modelo com a finalidade de elucidar questões acerca dos processos evolutivos do gênero (WANG et al., 2012; TRAIL E GARDINER, 2014).

Uma das principais consequências do emprego deste conceito como ferramenta de identificação para *Fusarium* é a identificação de novas espécies para o gênero e a descrição da fase sexual de espécies já conhecidas como evidenciado por Santos et al. (2019) que obtiveram resultados baseados na compatibilidade sexual dos isolados apoiado pelo uso dos conceitos morfológicos e filogenéticos para descrever as espécies *F. caatingaense* e *F. pernambucanum*, em Pernambuco, ambas inseridas no complexo *F. incarnatum-equiseti*.

Todavia, vale salientar que também existem dificuldades na aplicação desse conceito em espécies de *Fusarium*, quando levamos em consideração a baixa frequência de acasalamentos férteis em laboratório, tendo em vista que diversos fatores como, luminosidade, condições de temperatura e nutrição afetam diretamente na reprodução sexual desses fungos (COVERT et al., 1999). Essas dificuldades contribuem para a carência de conhecimento da fase sexual de várias espécies dentro do gênero (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

Independentemente de suas limitações é imprescindível a utilização do conceito de espécies biológicas sempre que possível a fim de se estabelecer uma abordagem polifásica,

pois ao contrário do que ocorre com as abordagens morfológicas e filogenéticas, o conceito biológico é definido por um pool genético de caracteres compartilhados dentro da população e não de apenas um táxon ou indivíduo (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

2.6.3 Conceito de espécie filogenética e suas aplicações

Historicamente, a taxonomia de fungos em geral era baseada apenas na comparação de caracteres morfológicos como cor, forma, dimensões e produção de estruturas reprodutivas, além de taxa de crescimento de culturas entre outros. Entretanto, devido à plasticidade e sobreposição morfológica, esses caracteres tornaram-se insuficientes para a separação das espécies que, por sua vez, pode acarretar em uma subestimação da real diversidade. Todavia, nos últimos anos, o avanço das técnicas moleculares e a possibilidade de obtenção de sequências de DNA revolucionaram a taxonomia de fungos e se tornaram ferramentas fundamentais para identificação precisa das espécies (TAYLOR et al., 2000; PINHO et al., 2016). A utilização dessas ferramentas possibilitou a união de aspectos morfológicos e de aspectos moleculares de cada indivíduo solucionando grande parte da problemática taxonômica que envolve esse grupo. Sendo possível estabelecer um forte suporte taxonômico para a separação de gêneros e espécies (O' DONNELL et al., 2000).

O conceito filogenético é fundamentado nos aspectos que diferem as espécies, no nível de menor subgrupo filogenético de indivíduos ou populações que compartilham um conjunto fixo de caracteres. Assim como a utilização dos outros conceitos de espécies busca elucidar o maior número de informações acerca dos indivíduos a fim de classificá-los de modo robusto. O objetivo principal da aplicação das análises filogenéticas é tentar esclarecer toda a história evolutiva e o grau de compartilhamento de caracteres entre os táxons (LESLIE E SUMMERELL, 2001). Como consequência da ampliação do emprego do conceito filogenético na taxonomia de fungos surgiu a necessidade da criação de um conceito operacional apropriado para reconhecimento das espécies filogenéticas que ficou denominado como “reconhecimento de espécies filogenéticas por concordância genealógica” (GCPSR), e sua aplicação é baseada na concordância filogenética de genes não vinculados a fim de indicar possíveis trocas genéticas e desse modo apontar a independência evolutiva das linhagens (TAYLOR et al., 2000).

Em meados dos anos 90 com a intensificação do uso de ferramentas moleculares com base nas sequências de DNA e sequenciamento dos genes foi possível identificar diversas espécies de *Fusarium* que até então não haviam sido descritas e realocar filogeneticamente

outras espécies já conhecidas (SUMMERELL E LESLIE, 2019). Inicialmente a identificação dessas espécies era baseada apenas no sequenciamento da região do espaço interno transcrito (ITS) do DNA ribossomal que foi considerada como um código de barras para os fungos durante muitos anos (SCHÖCH et al., 2012). Todavia, sabe-se que essa análise de ITS pode ser enganosa e inconclusiva para *Fusarium* principalmente pelo fato de que cópias diferentes dessa mesma região gênica podem ser encontradas em um mesmo isolado, prejudicando a confiabilidade dos resultados das análises filogenéticas, além do baixo sinal filogenético (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

De acordo com Hyde et al. (2014), o gene mais recomendado e utilizado para a identificação de espécies de *Fusarium* é o fator de alongação (*tef-1 α*), que de fato atua como função de código de barras para esse gênero até então. O fator de alongação constitui um importante elemento nos bancos de dados de identificação de *Fusarium*, principalmente no banco de dados de específico para o gênero, o FUSARIUM-ID e sua utilização possibilita uma identificação precisa de grande parte das espécies patogênicas de *Fusarium* (SUMMERELL et al., 2003). O alto nível de confiabilidade do FUSARIUM-ID, dá-se pelo fato de ser um banco baseado em sequências de identificações e culturas válidas depositadas em coleções de referência (GEISER et al., 2004). Além do fator de alongação (*tef-1 α*), outro importante gene utilizado na identificação de espécies de *Fusarium* foi demonstrado em um trabalho de autoria de O'Donnell et al. (2013) com a realização de uma filogenia de todo o gênero, foi possível comprovar que a amplificação das regiões da maior subunidade da RNA polimerase (*RPB1*) e da segunda maior subunidade da RNA polimerase (*RPB2*) são fundamentais quando se almeja alcançar uma perspectiva filogenética em todo o gênero.

Com a utilização da filogenia molecular diversos trabalhos foram fundamentais para o esclarecimento do posicionamento das espécies e o entendimento das relações filogenéticas dentro de *Fusarium*. O emprego deste conceito forneceu um posicionamento adequado para várias espécies conhecidas como importantes patógenos de plantas, tais como: *F. graminearum*, *F. pseudograminearum*, *F. subglutinans*, *F. verticillioides*. Além de reconhecer que diversas outras espécies de patógenos vegetais, como *F. oxysporum* e *F. solani* tratavam-se na verdade de complexos de espécies (O'DONNELL et al., 2008; LAURENCE et al., 2014). Essa compreensão é fundamental quando se busca entender a interação entre patógeno-hospedeiro assim como estabelecer medidas de controle eficazes (LESLIE E SUMMERELL, 2001).

O emprego do conceito filogenético é fundamental para tentar solucionar algumas lacunas que muitas vezes não podem ser preenchidas pelo uso dos outros conceitos. No conceito morfológico sabe-se que existem poucos caracteres morfológicos discriminatórios para as espécies de *Fusarium* e que essa identificação nas rotinas de laboratório é complicada e pode induzir a erros graves, dependendo do manejo das culturas (LESLIE E SUMMERELL, 2001). Sabe-se que esses caracteres podem sofrer variações de acordo com o hospedeiro aos quais as espécies estão associadas e principalmente devido à atuação de fatores ambientais externos. Além do fato de que muitas espécies não se desenvolvem quando inseridas em meio de cultura e, portanto, a avaliação dos caracteres morfológicos e fisiológicos torna-se inviável. Nesse contexto, as sequências de DNA oferecem um método pelo qual comparar e identificar fungos, independente da plasticidade morfológica e interações patógeno-hospedeiro (HYDE et al., 2014).

No que tange ao conceito biológico, tem-se conhecimento de que grande parte dos fungos só possui descrições de suas fases assexuadas e que as mesmas acontecem em um número muito mais elevado do que formação de corpos frutíferos na fase sexual, por ser considerada uma reprodução mais simples e por não necessitarem da presença de indivíduos geneticamente opostos para propagar a sua espécie. Neste caso, o uso do conceito filogenético de espécies torna-se essencialmente útil para as espécies que não produzem seu estágio sexual com regularidade, ou ainda para aquelas que são formadas exclusivamente por indivíduos homotáticos, que produzem estruturas sexuais provenientes de um indivíduo originado a partir de um único esporo (HYDE et al., 2014).

Ao longo das últimas décadas foi possível observar que a união de quatro tecnologias tem sido essencial para as descobertas de novas espécies de *Fusarium*. Estas tecnologias incluem a utilização de ferramentas moleculares com o sequenciamento do DNA e análise multilocus, realização de estudos de GCPSR como padrão ouro para reconhecimento de espécie, o acesso à coleções de culturas reconhecidas e espalhadas por todo mundo e uma equipe colaborativa pertencente a comunidade fitopatológica global (O' DONNELL et al., 2015).

2.6.3.1 Complexos de espécies em *Fusarium*

A utilização das análises multilocus de sequências de DNA (MLST) e o reconhecimento de espécies filogenéticas de concordância genealógica (GCPSR) possibilitou um aumento considerável no conhecimento da diversidade de espécies de *Fusarium* (AOKI, O'DONNELL E GEISER, 2014). Com a realização de estudos filogenéticos foi possível realizar a

distribuição das espécies de *Fusarium* com características semelhantes dentro de complexos (O'DONNELL et al., 2013; SANDOVAL-DENIS et al., 2018). A definição de complexo de espécies não é bem estabelecida, mas em sua maioria refere-se a um agrupamento de espécies com características morfológicas e marcadores filogenéticos compartilhados. Essa definição não é considerada como uma nomenclatura formal de acordo com as normas do Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas (ICN), desse modo não existem regras estabelecidas para a caracterização dos complexos (SUMMERELL E LESLIE, 2019).

O emprego das terminologias para determinar os complexos de espécies teve seu início para o gênero *Fusarium* para o complexo de espécies *F. oxysporum* (FOSC) e o complexo de espécies de *F. fujikuroi* (FFSC) como uma alternativa para a designação da seção Liseola que foi a primeira definida para *Fusarium* de acordo com o trabalho de Wollenweber e Reinking (1935). A conveniência na mudança na nomenclatura de seções para complexos foi baseada em duas motivações: Com a realização de novos estudos a maioria das seções foram determinadas como sendo polifiléticas e conforme outras espécies eram reconhecidas e adicionadas às seções percebeu-se que as mesmas apresentavam características morfológicas que não eram condizentes com as definições estabelecidas (SUMMERELL E LESLIE, 2019). Um exemplo claro desta nomenclatura inadequada é visto em *F. nygamai* que até então estava inserido na seção Liseola. Todavia, essa espécie apresenta a produção de clamidósporos como uma de suas características morfológicas e que não consta como característica dos representantes desta seção (BURGESS E TRIMBOLI, 1986).

Os complexos de espécies em *Fusarium* são fortemente apoiados por meio de um conceito filogenético que reúne agrupamentos de espécies que compartilham muitas características importantes, principalmente fenotípicas e de acordo com a capacidade de produzir metabólitos secundários como as micotoxinas (O'DONNELL et al., 2009). O número de complexos aceitos dentro do gênero *Fusarium* variam de 16 a 23, a depender da circunscrição de gênero adotada (O'DONNELL et al., 2013; LAURENCE et al., 2014; SANDOVAL-DENNIS et al., 2018, O'DONNELL et al., 2020; Crous et al. 2021).

Os complexos de espécies são relevantes porque servem de sustentação para uma estrutura evolutiva baseada nas relações entre os mesmos e a capacidade de estimar o seu grau de evolução. Sendo assim, os complexos de espécies fornecem um mecanismo para definir relações taxonômicas e evolutivas (SUMMERELL E LESLIE, 2019). Os complexos de espécies em *Fusarium* incluem diversos sistemas taxonômicos com espécies que realizam

interações como patógenos ou não patógenos associados a outros fungos, plantas e animais (LOMBARD et al., 2019). A consequência direta da realização de estudos voltados para os complexos dentro de *Fusarium* é uma maior compreensão dos processos evolutivos envolvendo as espécies dentro do gênero, bem como a estruturação filogenética e o agrupamento das espécies que compartilham os mesmos caracteres.

Historicamente a murcha de *Fusarium* em banana no Panamá era associada exclusivamente a espécies pertencentes ao complexo *F. oxysporum* (FOSC). Contudo, uma extensa pesquisa realizada por Maryani et al. (2019) resultou em uma coleção de 20 isolados inseridas no complexo *F. fujikuroi* (FFCS), *F. sambucinum* (FSSC) e complexos de espécies *F. incarnatum-equiseti* (FIESC). Como resultado do trabalho, todos os isolados foram considerados como agentes etiológicos da Murcha de *Fusarium* em banana na Indonésia. Como mais um resultado desta pesquisa houve a descrição de nove linhagens geneticamente diferentes para *F. oxysporum* f sp. *cubense* que tiveram sua patogenicidade confirmada por meio do Postulado de Koch.

O complexo *F. incarnatum-equiseti* (FIESC) vem sendo bastante estudado devido a sua grande importância fitopatológica. Seus representantes incluem patógenos de plantas, animais e humanos (SANDOVAL-DENIS et al., 2018). Devido a esta relevância, pesquisadores buscam cada vez mais estabelecer a sua estabilidade taxonômica (LOMBARD et al., 2019). Por meio do emprego das análises filogenéticas de diferentes genes e as bases que norteiam a GCPSR mais de 30 espécies foram reconhecidas como pertencentes ao FIESC (O'DONNELL et al., 2009, 2012; VILLANI et al., 2016; MARYANI et al., 2019). Em seu estudo Wang et al. (2019), identificaram 77 isolados provenientes de plantas coletadas em províncias da China, sendo 14 pertencentes ao FIESC e nove espécies foram descritas com os seus respectivos binômios latinos. Também em uma pesquisa envolvendo o FIESC, Xia et al. (2019) epitificaram as espécies *F. compactum*, *F. incarnatum* e *F. scirpi* e neotipificaram *F. camptoceras* contribuindo para a estabilidade do complexo e a definição de 20 espécies filogenéticas que careciam de descrições formais.

Devido a inclusão de novas ferramentas na identificação de espécies pertencentes ao gênero *Fusarium* e a utilização de uma abordagem polifásica muitas espécies sofreram variações dentro do gênero no que diz respeito a inclusão em novos complexos de espécies, mudanças de um complexo para outro e até descrições para novos gêneros. Desta forma, torna-se necessária a revisão de espécies já relacionadas a hospedeiros conhecidos como o

caso da batata-doce para a utilização de uma abordagem polifásica na identificação dessas espécies a fim de comprovar que estas espécies em questão estão relacionadas corretamente a cultura da batata-doce.

2.7 CONCEITO E UTILIZAÇÃO DA *Formae speciales* em *Fusarium oxysporum*

O complexo de espécies *Fusarium oxysporum* (FOSC) corresponde a um grupo de fungos economicamente importantes que englobam cepas patogênicas que afetam uma gama de culturas agrícolas e supostamente não patogênicas que possuem caracteres morfológicos semelhantes, porém que se diferem filogeneticamente. Isolados patogênicos de plantas são responsáveis por causar podridão, tombamento e murcha vascular em uma ampla gama de culturas agrônômicas e hortícolas importantes (BAAYEN, 200).

Isolados supostamente não patogênicos são facilmente isolados do solo e raízes de plantas assintomáticas de ecossistemas agrícolas e naturais como endófitos ou como isolados que suprimem patógenos transmitidos pelo solo, incluindo isolados patogênicos de *F. oxysporum* (FRAVEL et al., 2003). Existem também isolados clinicamente importantes que atuam como patógenos oportunistas, causando infecções em animais e humanos imunossuprimidos (O'DONNELL et al., 2016).

As cepas pertencentes à *Fusarium oxysporum* apresentam alta diversidade funcional e genética, essa afirmação é possível devido ao número elevado de hospedeiros afetados por este grupo que incluem diversas espécies de plantas desde monocotiledôneas a dicotiledôneas economicamente importantes (O'DONNELL et al. 2009). Devido ao elevado número de hospedeiros associados e os sintomas apresentados por este grupo em diversas áreas de cultivo. Surgiu a necessidade de associar cepas patogênicas específicas aos seus hospedeiros, afim de se obter uma rápida identificação destes indivíduos em campo. Diante disto, cepas com a mesma gama de hospedeiros, geralmente uma espécie de planta, são agrupadas em uma *formae speciales* (EDEL-HERMANN & LECOMTE, 2019). Visando especificar ainda mais esse conceito, algumas *formae speciales* são subdivididas em raças, definidas pela especialização em nível de cultivar e, em alguns casos, por genes de resistência conhecidos nessas cultivares (GORDON & MARTYN 1997). A classificação intraespecífica foi admitida em 1930, pelo Código Internacional de Nomenclatura Botânica (comumente denominado Código Internacional de Nomenclatura para algas, fungos e plantas), para caracterização desta nomenclatura para designar as *formae speciales* de seus hospedeiros de modo informal. Não sendo aceita como classificação taxonômica e por este motivo a nomeação de novas *formae*

speciales não segue os critérios estabelecidos para nomenclatura, cabendo a seus autores determinar livremente os novos nomes que geralmente levam o binômio da planta hospedeira (EDEL-HERMANN & LECOMTE, 2019).

A utilização do conceito de *formae speciales* surgiu da necessidade de diferenciar cepas patogênicas dentro do grupo, uma vez que cepas patogênicas de *F. oxysporum* são responsáveis por dois tipos de sintomas: Murcha vascular e podridão. Embora ambas causem sintomas semelhantes em seus hospedeiros, seu mecanismo de ação varia de acordo com a doença, sendo essa informação de suma importância para se estabelecer medidas de controle (OLIVAIN & ALABOUVETTE 1999). A primeira utilização deste conceito foi realizada por Weimer (1944) para distinguir as cepas produtoras de podridão radicular daquelas que produzem murcha vascular, onde foi proposto o nome *F. oxysporum* f. sp. *radicis-lupini*. Desde então, o termo “*radicis*” diferenciou as cepas produtoras de podridão das cepas produtoras de murcha. A inclusão do termo “*radicis*” no nome da *formae speciales* permite a identificação imediata do tipo de sintomas. (EDEL-HERMANN & LECOMTE, 2019).

Segundo um dos primeiros levantamentos buscando verificar a quantidade de *formae speciales* em *Fusarium* realizado por Snyder e Hansen (1940) 25 “formas biológicas” dentro de *F. oxysporum* foram associadas com base em suas faixas de hospedeiros. Em 1981, outro levantamento foi realizado no trabalho de autoria de Armstrong & Armstrong (1981), sendo muito citado em relação às 79 *formae speciales* e mencionaram raças em 16 *formae speciales*. Embora tenha sido realizado há 42 anos ainda é uma literatura muito citada pelos cientistas. Desde então o número de *formae speciales* vem crescendo dentro do grupo com a descoberta de novas espécies e sua associação com os hospedeiros, realidade que é mostrada no trabalho de Edel-Hermann & Lecomte (2019) com a descrição de 106 *formae speciales*.

As *formae speciales* dentro de *Fusarium oxysporum* são descritos principalmente como altamente específicos. Sua gama de hospedeiros deveria inicialmente ser restrita a uma espécie de planta, mas descobriu-se que era mais ampla para muitas *formae speciales* ao longo do tempo. Fato que se deve a alta diversidade genética e ampla adaptabilidade dentro de *Fusarium oxysporum* que nos levar a esperar que esse número aumente com o decorrer dos anos com a descrição de novas espécies e associações patógeno-hospedeiro (EDEL-HERMANN & LECOMTE, 2019).

2.8 Geotrichum COMO AGENTE CAUSADOR DE PODRIDÕES EM FRUTOS E HORTALIÇAS.

O gênero *Geotrichum* foi proposto por Link em 1809 para incluir os fungos que apresentavam em sua morfologia esporos truncados. Em sua descrição ele nomeou inicialmente apenas uma espécie habitante do solo, *Geotrichum candidum*. Após sua descrição inicial houveram divergências entre os estudiosos acerca das características morfológicas que definiam esta espécie e até o ano de 1957 a espécie *G. candidum* não possuía uma descrição aceita de maneira universal. Até que no ano de 1957 por meio do trabalho realizado por Carmichael (1957) foi estabelecida uma emenda na descrição de Link contendo a descrição da espécie em questão, bem como a presença de imagens ilustrativas que forneciam informações importantes dos seus caracteres morfológicos. Por meio da publicação da emenda na descrição de *Geotrichum*, a espécie em questão passou a ser reconhecida como um fungo comum de distribuição mundial e habitat variado, que poderia ser facilmente reconhecido e isolado por qualquer pesquisador (CARMICHAEL, 1957).

Geotrichum (sinônimo *Galactomyces*) é um gênero de fungo dimórfico incluído na família *Dipodascaceae* dentro da Classe *Saccharomycetales*. Suas principais características morfológicas incluem micélio de coloração creme e presença de conídios formados a partir da fragmentação das hifas denominados de artroconídios. Por se tratar de espécies com características bastante semelhantes é recomendado que identificação dessas espécies seja baseada em uma análise polifásica envolvendo sempre que possível aspectos morfológicos, filogenéticos e ecológicos. Isolados deste gênero podem ser oriundos de diversos substratos, incluindo solo, plantas, água e associados a insetos (ALPER et al., 2011).

Apesar de possuir representantes encontrados em diversos substratos, o gênero *Geotrichum* é amplamente reconhecido por possuir espécies com grande importância fitopatológica atuando principalmente como patógenos de frutas e vegetais em diversos sistemas agrícolas. Sendo responsáveis por ocasionar danos econômicos e perdas na agricultura em todo o mundo atuando principalmente no período pós-colheita (AGRIOS, 2005).

Representantes do gênero infectam frutas e hortaliças por meio de lesões causadas por insetos pragas que podem estar atuando nas áreas de cultivo ou por meio da presença de feridas mecânicas ocasionadas durante os procedimentos que envolvem os períodos de armazenamento e transporte de frutas e vegetais. Os primeiros sintomas podem ser

visualizados pelo crescimento de um micélio esbranquiçado nas áreas afetadas com presença de lesões levemente afundadas e odor forte, característico da podridão azeda, tendo como principal agente etiológico a espécie *Geotrichum candidum* (AGRIOS, 2005).

No Brasil, a espécie *Geotrichum candidum* tem sido associada à podridão azeda em diversos hospedeiros. O trabalho de Paes et al. (2021) reuniu aspectos morfológicos e filogenéticos para a identificação de agentes etiológicos da podridão azeda em vegetais e frutas no Brasil. O trabalho em questão teve como principais resultados a descrição de duas novas espécies *Geotrichum solani* e *Geotrichum spondiadis* e a comprovação das mesmas e da espécie *Geotrichum candidum* como agentes etiológicos da podridão azeda em tomate (*Solanum lycopersicum* L.) siriguela (*Spondias purpurea*) chuchu (*Sechium edule* Swartz) e batata-baroa (*Arracacia xanthorrhiza*).

A correta identificação e relato dos agentes etiológicos associados a podridão azeda em frutas e hortaliças causada por espécies pertencentes ao gênero *Geotrichum* é de fundamental importância quando se leva em consideração que essas informações irão auxiliar na elaboração de medidas de prevenção e controle desta doença no Brasil e no mundo.

ARTIGO1: SPECIES DIVERSITY OF FUSARIOID GENERA ASSOCIATED WITH SWEET POTATO IN BRAZIL, INCLUDING THE DESCRIPTION OF A NEW SPECIES

Juliana Ferreira de Mello¹, Ana Carla da Silva Santos ¹, Amanda Cupertino de Queiroz Brito¹, José Vitorino da Silva Neto², Ana Elisa de Almeida Souza¹, Antônio Félix da Costa³, André Angelo Medeiros Gomes², Cristina Maria Souza-Motta¹, Ueder Pereira Lopes⁴, Alexandre Reis Machado¹

Artigo submetido a revista Plant Pathology

RESUMO

A batata-doce, (*Ipomoea batatas* (L.) Lam), possui grande importância socioeconômica no Brasil e no mundo. Dentre os fungos patogênicos associados às doenças radiculares desta cultura, o gênero *Fusarium* se destaca pela diversidade de espécies, potencial patogênico em seus diversos hospedeiros e sua capacidade de sobreviver no interior das plantas como endófitos sem aparentemente causar danos. O objetivo deste trabalho foi identificar gêneros fusarióides a partir de ramas e raízes de plantas sintomáticas e assintomáticas. A identificação

das espécies fúngicas foi baseada na análise filogenética multilocus e morfológica. Resultando num total de 51 isolados, distribuídos nos complexos de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC), complexo de espécies *Fusarium fujikuroi* (FFSC), complexo de espécies *Fusarium oxysporum* (FOSC) - com uma novidade taxonômica - e *Neocosmospora* foram identificados. O teste de patogenicidade em raízes mostrou que 13 dos 14 isolados testados obtidos de raízes e ramas sintomáticos e de ramas assintomáticos foram capazes de reproduzir os sintomas de podridão observados no campo. A confirmação da patogenicidade de isolados de ramas sadias em ambos os testes corrobora a hipótese de que esses fungos podem viver endofiticamente em tecidos sadios e são capazes de causar danos aos seus hospedeiros em situações de estresse. Este é o primeiro relato de *Fusarium pernambucanum*, *F. caatingaense*, *F. annulatum*, *F. pseudocircinatum*, *F. agrestense*, *F. elaeidis*, *Neocosmospora falciformis* e *N. suttoniana* associados à podridão da raiz e caule da batata-doce.

Palavras-chave: Etiologia, *Fusarium*, *Ipomoea batatas*, *Neocosmospora*. Taxonomia. 1 novo táxon.

3 INTRODUÇÃO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) pertence à família Convolvulaceae é uma cultura alimentar de grande importância produzida e consumida em diversos locais do mundo. Esta cultura é caracterizada por ser uma hortaliça tuberosa com raízes ricas em amido. É considerada de fácil cultivo devido a sua rusticidade e por possuir ampla adaptação aos mais variados climas e solos (Queiroga et al., 2007), além de apresentar crescimento e amadurecimento das suas raízes em curto período de tempo e alta taxa de produtividade por área plantada, fatores estes que possibilitam o seu cultivo em escala mundial (EMBRAPA, 2008).

Consequentemente, a cultura da batata-doce é uma das culturas alimentares mais importantes do mundo, com uma taxa média de produção de aproximadamente 12 toneladas de raízes tuberosas por hectare em 2021, no entanto, alguns países como a Guiana atingiram aproximadamente 90 toneladas por hectare (FAOSTAT, 2023). No Brasil são produzidas 824.680 toneladas de raiz por ano, distribuídas em 56.183 hectares de área cultivada com produção média aproximada de 15 toneladas por hectare (IBGE, 2023). A região Nordeste é historicamente uma das maiores produtoras do país (IBGE, 2023).

As doenças radiculares causadas por fungos ocorrem em diferentes sistemas agrícolas, em diferentes hospedeiros e podem causar uma ampla variedade de sintomas nas plantas. Sabe-se que os fungos têm a capacidade de permanecer por muito tempo em resíduos vegetais infectados e se disseminar para outros locais (Michereff et al., 2005). Nessas doenças, os tecidos radiculares são afetados, tornam-se necróticos e as plantas geralmente morrem. Todo o sistema radicular da planta hospedeira ou apenas uma pequena área próxima ao local de penetração do patógeno pode ser infectado. Muitas podridões de raiz e ramas causam morte rápida da planta, enquanto outras causam apenas sintomas leves com impacto mínimo no desenvolvimento da planta. Devido ao número de mecanismos que os fungos desenvolveram para manter sua permanência no solo, é praticamente impossível eliminá-los das áreas cultivadas (Wheeler & Rush, 2001).

Diversas espécies de fungos atuam causando podridões das raízes e ramas no campo, além de podridões pós-colheita, produzindo manchas e podridões nas raízes tuberosas. Na cultura da batata-doce já foram relatadas podridões das raízes causadas por *Fusarium oxysporum* f sp *batatas*, *Rhizopus* sp., *Ceratocystis fimbriata*, *Plenodomus destruens* (*Diaporthe destruens*) (Pio-Ribeiro et al., 2016) e podridão radicular e das ramas causada por *Macrophomina*, *Lasiodyplodia* e *Neoscytalidium* (Mello et al., 2021).

A podridão radicular causada por *Fusarium* é uma das principais doenças pós-colheita da batata-doce, particularmente no sudeste dos Estados Unidos, onde a maioria das plantações de batata-doce são cultivadas. A podridão radicular de *Fusarium*, também conhecida como podridão seca ou podridão terminal, ocorre principalmente em raízes que foram danificadas na colheita ou no processo de armazenamento (da Silva & Clark, 2013). Numerosas espécies de *Fusarium* foram relatadas infectando raízes de batata-doce. No entanto, *Neocosmospora solani* (*Fusarium solani*) é considerado a principal causa da podridão radicular por *Fusarium* (da Silva & Clark, 2013).

Fusarium pertence a um grupo taxonômico complexo e controverso (Summerell & Leslie, 2011). Espécies de *Fusarium* têm sido descritas com base nas características morfológicas dos conídios septados em forma de canoa produzidos pela maioria das espécies, bem como no aparecimento e formação de outros esporos assexuados (Leslie & Summerell, 2006). No entanto, o uso de ferramentas moleculares tem sido essencial para a identificação precisa desses fungos, uma vez que a plasticidade fenotípica e a existência de homoplasia

morfológica e espécies crípticas dificultam muito a identificação morfológica de espécies fúngicas (Hyde et al., 2014; Santos et al., 2019).

Estudos filogenéticos moleculares, combinados com evidências morfológicas, ecológicas e bioquímicas, apoiaram a segregação de fungos anteriormente classificados como *Fusarium* em 20 gêneros fusarioides em *Nectriaceae*. Como consequência, *Fusarium* sensu stricto representa um grupo mais restrito (nodo F3), englobando espécies caracterizadas por morfos sexuais de *Gibberella* (Crous et al., 2021). Nesse contexto, uma mudança marcante foi a designação do gênero *Neocosmospora* para reter espécies anteriormente consideradas no complexo de espécies *Fusarium solani* (Sandoval-Denis et al., 2019). Apesar de apresentarem características morfológicas semelhantes, o gênero *Fusarium* e os demais gêneros fusarioides são filogeneticamente e biologicamente distintos (Crous et al., 2021).

Entre as espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* que causam podridões em raízes e caules de batata-doce em diversos hospedeiros, duas espécies merecem atenção especial: *F. oxysporum* f. sp. *batatas* e *N. solani*, pois atuam negativamente em áreas de cultivo distribuídas em diferentes regiões do mundo. *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas* é responsável pela murcha de *Fusarium*, que apresenta sintomas primários de murcha e amarelecimento das folhas, afetando o sistema vascular da planta, e *N. solani* causando podridão de ramas, que pode progredir e causar escurecimento e podridão de raízes tuberosas e ramas (Pio-Ribeiro et al., 2016; Yang et al., 2018). No entanto, nenhum estudo preciso foi realizado para confirmar quais espécies de *Fusarium* são responsáveis pela fusariose em plantações de batata-doce no Brasil. Além disso, tendo em vista o recente desmembramento de *formae specialis* em *F. oxysporum* em várias novas espécies (Lombard et al., 2019, Maryani et al., 2019), esta investigação fornecerá uma atualização sobre os patógenos que afetam essa importante cultura.

Espécies de *Fusarium* podem ser encontrados em diferentes habitats: sapróbios, patogênicos, fitopatogênicos e endofíticos. Dentre estes, o estilo fitopatogênico é comumente associado ao gênero devido à variedade de hospedeiros economicamente importantes (Cai et al., 2011). Fungos endofíticos vivem dentro de tecidos e órgãos vegetais sem aparentemente causar danos aos seus hospedeiros. No entanto, especula-se que as espécies fitopatogênicas podem sobreviver neste estado no hospedeiro até que surjam condições favoráveis para iniciar a patogênese, como estresse abiótico ou lesão da planta (Kedera et al., 1992; Bacon & Yates

2006; Bacon et al., 2008). No entanto, a sobrevivência de espécies de *Fusarium* na forma endofítica (latente) ainda não foi confirmada para o patossistema batata-doce-*Fusarium*.

No Brasil, apenas *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas* e *Neocosmospora solani* são frequentemente associados à podridão radicular. Devido à falta de pesquisas e levantamentos nesta área no Brasil, é provável que outras espécies também infectem a batata-doce e não tenham sido relatadas, devido a dificuldades na identificação dessas espécies.

Portanto, este estudo teve como objetivos (i) investigar a diversidade de fungos fusarióides associados à batata-doce no Brasil, por meio de análises filogenéticas multilocus; (ii) descrever uma nova espécie do complexo *Fusarium oxysporum*; e (iii) avaliar o potencial patogênico contra batata-doce de isolados obtidos de raízes e ramas sintomáticos e de ramas assintomáticos.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 COLETA DE AMOSTRAS E ISOLAMENTO DE FUNGOS

Ramas de batata-doce com sintomas de podridão e ramas saudáveis foram coletados em feiras livres e supermercados localizados nos estados de Pernambuco (Goiana, Vitória de Santo Antão, Correntes, Lagoa do Ouro, Camocim de São Félix, Aliança e Bom Conselho) e em Minas Gerais (Jaíba). Raízes e ramas foram coletadas no período de 2017 a 2019. O material coletado foi encaminhado ao Laboratório de Micologia Ambiental do Departamento de Micologia da Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), onde foram realizados isolamentos fúngicos.

Para realização do método de isolamento indireto de isolados teciduais com sintomas de podridão e obter culturas puras, fragmentos de aproximadamente 1cm² foram cortados de ramas e raízes tuberosas com sintomas de podridão no limite entre tecido saudável e necrótico. Os fragmentos foram esterilizados superficialmente por imersão por 1 min em etanol 70%, 3 min em solução de hipoclorito de sódio 1%, 1 min em água destilada esterilizada e secos por 1 min em papel de filtro esterilizado. Os fragmentos foram então colocados em meio de cultura batata-dextrose-agar (BDA) com antibiótico (cloranfenicol, 0,05 g/L). Para o isolamento dos endófitos, 10 fragmentos de aproximadamente 1cm² foram retirados de cada rama sadia e submetidos a um processo de esterilização superficial que consistiu em imersão em álcool 70% (por 1 minuto), hipoclorito de sódio 1% (por 1 minuto),

seguido de por imersão por 30 segundos em álcool 70%, lavagem em água destilada esterilizada e secagem em papel filtro esterilizado. Após esse processo, os fragmentos foram depositados em placas de Petri (cinco fragmentos em cada placa) contendo meio BDA, suplementado com cloranfenicol (100 mg/L).

Ambas as placas de Petri utilizadas para o isolamento de fitopatógenos e endófitos foram mantidas a 25°C e seu crescimento foi observado diariamente. Os fragmentos que apresentaram crescimento de colônias fúngicas com macromorfologia fusarióide foram transferidos para placas de Petri contendo meio de cultura (AA) e posteriormente purificados por repicagem de pontas de hifas com auxílio de estereomicroscópio, para garantir que se tratava de um único indivíduo. Em seguida, foram transferidos para novas placas contendo meio de cultura BDA e mantidos à temperatura de 25°C. O armazenamento das culturas foi realizado pelo método de Castellani (1967).

4.2 EXTRAÇÃO DE DNA, PCR E SEQUENCIAMENTO

Para análise molecular, os isolados obtidos foram cultivados em BDA a 25°C por sete dias em placas de Petri. O micélio foi removido com o auxílio de um bisturi e inserido em microtubos de 2 mL contendo quatro esferas de vidro de 3 mm de diâmetro e acrescido de 300µL de Nuclei Lysis Solution do Promega Genomic DNA Extraction Kit (Wizard Genomic DNA Purification Kit).

Para a identificação preliminar das espécies, primeiro foi realizada a amplificação e sequenciamento parcial da região do fator de alongação (*TEF1*) (Hyde et al., 2014) para todos os isolados, usando os primers EF1 (Forward) e EF2 (Reverse) (O' Donnell et al., 1998). Cada 12,5 µL de reação em cadeia da polimerase (PCR) foi composto pelos seguintes ingredientes: 6,25 µL de GoTaq Master Mix (Promega), 0,5 µL de cada primer na concentração de 10 µmol (direto e reverso), 4,25 µL de nuclease livre água e 1 µL de cada amostra de DNA.

Após identificação preliminar pela região do gene (*TEF1*), isolados representativos foram submetidos à amplificação e sequenciamento da segunda maior subunidade da RNA polimerase (*RPB2*), utilizando os primers 5F2 (Sung et al., 2007) e 7CR (Liu et al., 1999).

Posteriormente, as regiões gênicas da maior subunidade da polimerase de RNA (*RPB1*) foram amplificadas usando primers Fa e R8 (O'Donnell et al., 2010) e a região calmodulina (*CAM*) usando primers CL1 e CL2a (O'Donnell et al., 2010). para amplificação de isolados representativos presentes em dois complexos de espécies.

Os pares de primers, procedimentos de amplificação por PCR e referências usadas neste estudo foram compilados (Tabela 1).

Para confirmar a amplificação das regiões gênicas citadas acima, foi realizada eletroforese em gel de agarose 1% marcado com GelRed™ (Biotium) a 80 volts e amperagem de 500mA por 30 minutos para observar a formação de bandas com auxílio de um transiluminador.

Os produtos de PCR foram purificados com a enzima Exo+sap (Cellco Biotech) e sequenciados na plataforma de sequenciamento do Centro de Biociências da Universidade Federal de Pernambuco (Recife, Brasil). As sequências de nucleotídeos foram editadas com o software Mega 7 (Kumar et al., 2016). As novas sequências foram depositadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

Tabela 1: Pares de primers, procedimentos de amplificação por PCR e referências usadas neste estudo.

Pares de primers, procedimentos de amplificação por PCR e referências usadas neste estudo.		
Região	PCR e procedimentos de amplificação	Referências
<i>TEF</i> EF1/EF2	94 °C 60 s; 35 cycles of 94 °C 30 s, 53 °C 45 s, 72 °C 1 min; 72 °C 5 min.	O'Donnell et al. (1998) com modificações
<i>RPB2</i> 5F2/7CR	94 °C 90 s; 40 cycles of 94 °C 30 s, 55 °C 90 s, 68 °C 2 min; 68 °C 5 min.	Sung et al. (2007) and Liu et al. (1999) com modificações
<i>RPB1</i> Fa/R8	94 °C 90 s; 5 cycles of 94 °C 45 s, 58 °C 45 s, 72 °C 2 min; 5 cycles of 94 °C 45 s, 57 °C 45 s, 72 °C 2 min; 35 cycles of 94 °C 45 s, 56 °C 45s, 72 °C 2 min; 72 °C 10 min; 10 °C soak	O'Donnell et al. (2010) com modificações
<i>CAM</i> CL1/CL2 A	94 °C 3 min; 35 cycles of 95 °C 45 s, 50 °C 45 s, 72 °C 1 min; 72 °C 10 min.	O'Donnell et al. (2000) com modificações

4.3 ANÁLISES FILOGENÉTICAS

Para análises filogenéticas, as regiões de consenso foram comparadas no banco de dados GenBank usando o programa BLASTn (NCBI–<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). As novas sequências foram adicionadas ao conjunto de sequências obtidas do Genbank de acordo com cada complexo, *F. incarnatum-equiseti* (FIESC) (Tabela 2), *F. fujikuroi* (FFSC) (Tabela 3), *F. oxysporum* (FOSC) (Tabela 4) e *Neocosmospora* (Tabela 5), sendo alinhados no programa MUSCLE® (Edgar, 2004) do pacote de software MEGA v.7 (Kumar et al., 2015). Os alinhamentos e análises filogenéticas descritos a seguir foram realizados para cada complexo de espécies separadamente.

A análise de Inferência Bayesiana (BI) foi realizada aplicando o método da cadeia de Markov Monte Carlo (MCMC) de regiões gênicas separadas e concatenadas. Os modelos de substituição de nucleotídeos foram selecionados através do Mr. MODELTEST 2.3 (Posada & Buckley, 2004), sendo estimados separadamente para cada região gênica de acordo com o Akaike Information Criterion (AIC). A análise BI foi concluída com Mr. Bayes v.3.1.1 (Ronquist e Huelsenbeck, 2003) no portal CIPRES (Miller e Schwartz, 2010) para 50.000.000 gerações com uma árvore amostrada a cada 1.000 gerações, resultando em 10.000 árvores. As primeiras 2.500 árvores com os valores de probabilidade mais baixos foram descartadas da análise e os valores de probabilidade posteriores (Rannala & Yang, 1996) foram determinados a partir da árvore de consenso entre as 7.500 árvores restantes. As árvores filogenéticas resultantes foram visualizadas no software FigTree (Rambaut, 2009).

Tabela 2: Sequências dos isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo.

Species	Culture accession	Host/substrate	TEF1	RPB1	RPB2	CAM
<i>F. aberrans</i>	CBS131385T	<i>Oryza australiensis</i>	MN170445	-	MN170378	MN170311
<i>F. aberrans</i>	CBS 131387	<i>Oryza australiensis</i>	MN170446	-	MN170379	MN170312
<i>F. arcuatisporum</i>	LC11639	<i>Oryza</i> sp.	MK289586	MK289798	MN170378	MN170311
<i>F. arcuatisporum</i>	LC6026	<i>Nelumbo nucifera</i> leaf	MK289585	MK289800	MK289770	MK289667
<i>F. arcuatisporum</i>	LC12147 = CGMCC3.19493 (T)	<i>Brassica campestris</i> pollen	MK289584	MK289799	MK289739	MK289697
<i>F. arcuatisporum</i>	NRRL 32997 = UTHSC 99-423	Human toenail	GQ505624	HM347164	GQ505802	GQ505536
<i>F. brevicaudatum</i>	NRRL 43638 = UTHSC R-3500	Manatee	GQ505665	-	GQ505843	GQ505576
<i>F. brevicaudatum</i>	NRRL 43694 = CDC 2006743607	Human eye	GQ505668	HM347193	GQ505846	GQ505579
<i>F. brevicaudatum</i>	NRRL 45998 = UTHSC 06-2315	Human toe	GQ505673	-	GQ505851	GQ505584
<i>F. bubalinum</i>	CBS 161.25 = NRRL 26857	Unknown	MN170448	-	MN170381	MN170314
<i>F. caatingaense</i>	ARM 320	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980972	-	-	-
<i>F. caatingaense</i>	ARM 772/URM8548	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980998	ON981031	ON981058	ON981083
<i>F. caatingaense</i>	CBS 976.97	<i>Juniper chinensis</i>	MN170449	-	MN170382	MN170315
<i>F. caatingaense</i>	NRRL 34003 = CBS 130317	Human sputum	GQ505627	-	GQ505805	GQ505539
<i>F. caatingaense</i>	MUM 1859 = URM 6779	<i>Dactylopius opuntiae</i>	LS398466	MH668845	LS398495	-
<i>F. citri</i>	LC7922	<i>Capsicum</i> sp.	MK289634	MK289829	MK289788	MK289687
<i>F. citri</i>	LC7937	<i>Capsicum</i> sp.	MK289640	MK289830	MK289794	MK289693
<i>F. clavum</i>	NRRL 25795 = CBS 394.93, BBA 64265	<i>Disphyma crassifolium</i> seed	GQ505597	-	GQ505775	GQ505509
<i>F. clavum</i>	NRRL 32871 = FRC R-9561	Human abscess	GQ505619	-	GQ505797	GQ505531
<i>F. clavum</i>	NRRL 34032 = UTHSC 98-2172	Human abscess	GQ505635	HM347171	GQ505813	GQ505547
<i>F. clavum</i>	NRRL 34035 = UTHSC 91-569	Human sinus	GQ505637	-	GQ505815	GQ505549
<i>F. clavum</i>	NRRL 34037 = UTHSC 02-966	Human abscess	GQ505638	-	GQ505816	GQ505550
<i>F. clavum</i>	NRRL 45995 = UTHSC 02-966	Human abscess	GQ505670	-	GQ505848	GQ505581

<i>F. clavum</i>	NRRL 45997 = UTHSC 04-1902	Human sinus	GQ505672	-	GQ505850	GQ505583
<i>F. coffeatum</i>	CBS 635.76	<i>Cynodon lemfuensis</i>	MN120755	-	MN120736	MN120696
<i>F. coffeatum</i>	NRRL 28577 = CBS 430.81		GQ505646	-	GQ505824	GQ505558
<i>F. compactum</i>	NRRL 28029 = CDC B-3335	Human eye	GQ505646	HM347150	GQ505780	GQ505514
<i>F. compactum</i>	NRRL 36318 = CBS 185.31	Unknown	GQ505646	-	GQ505824	GQ505558
<i>F. compactum</i>	NRRL 36323 = CBS 186.31 (T)	<i>Gossypium</i> sp.	GQ505648	-	GQ505826	GQ505560
<i>F. duofalcatisporum</i>	NRRL 36401 = CBS 264.50	<i>Gossypium</i> sp.	GQ505651	-	GQ505829	GQ505563
<i>F. duofalcatisporum</i>	NRRL 36448 = CBS 384.92	Phaseolus vulgaris seed	GQ505652	-	GQ505830	GQ505564
<i>F. equiseti</i>	NRRL 20697 = CBS 245.61	Beet	GQ505594	JX171481	GQ505772	GQ505506
<i>F. equiseti</i>	NRRL 26419 = CBS 307.94, BBA 68556 (NT)	Soil	GQ505599	-	GQ505777	GQ505511
<i>F. equiseti</i>	NRRL 36136 = CBS 107.07, IMI 091982	Unknown	GQ505644	-	GQ505822	GQ505556
<i>F. equiseti</i>	NRRL 36321 = CBS 185.34	Soil	GQ505647	-	GQ505825	GQ505559
<i>F. equiseti</i>	NRRL 36466 = CBS 414.86	<i>Solanum tuberosum</i>	GQ505653	-	GQ505831	GQ505565
<i>F. equiseti</i>	NRRL 43636 = UTHSC 06-170	Dog	GQ505663	HM347189	GQ505841	GQ505574
<i>F. fasciculatum</i>	CBS 131382T	<i>Oryza australiensis</i>	MN170473	-	MN170406	MN170339
<i>F. fasciculatum</i>	CBS 131383	<i>Oryza australiensis</i>	MN170474	-	MN170407	MN170340
<i>F. flagelliforme</i>	NRRL 26921 = CBS 731.87	Triticum sp.	GQ505600	-	GQ505778	GQ505512
<i>F. flagelliforme</i>	NRRL 31011 = BBA 69079	Thuja sp.	GQ505606	-	GQ505784	GQ505518
<i>F. flagelliforme</i>	NRRL 36269 = CBS 162.57	Pinus nigra seedling	GQ505645	-	GQ505823	GQ505557
<i>F. flagelliforme</i>	NRRL 36392 = CBS 259.54	Unknown plant seedling	GQ505650	-	GQ505828	GQ505562
<i>F. flagelliforme</i>	NRRL 6548 = IMI 112503	Triticum sp.	GQ505589	-	GQ505767	GQ505501
<i>F. guilinense</i>	LC12160 = CGMCC3.19495 (T)	<i>Musa nana</i> leaf	MK289594	MK289831	MK289747	MK289652
<i>F. guilinense</i>	NRRL 13335 = FRC R-2138	Alfalfa	GQ505590	-	GQ505768	GQ505502
<i>F. guilinense</i>	NRRL 32865 = FRC R-8480	Human endocarditis	GQ505614	HM347161	GQ505792	GQ505526
<i>F. hainanense</i>	LC11638 = CGMCC3.19478 (T)	<i>Oryza</i> sp. stem	MK289581	MK289833	MK289735	MK289657
<i>F. hainanense</i>	NRRL 26417 = CBS 544.96	Leaf litter	GQ505598	JX171522	GQ505776	GQ505510
<i>F. hainanense</i>	NRRL 28714 = ATCC 74289	<i>Acacia</i> sp. branch	GQ505604	-	GQ505782	GQ505516
<i>F. humuli</i>	LC12158	<i>Musa nana</i> leaf	MK289592	MK289834	MK289745	MK289645

<i>F. humuli</i>	LC12159	<i>Musa nana</i> leaf	MK289593	MK289835	MK289746	MK289646
<i>F. humuli</i>	LC4490	<i>Osmanthus</i> sp.	MK289614	MK289836	MK289767	MK289664
<i>F. humuli</i>	LC7003	<i>Musa paradisiaca</i>	MK289623	MK289837	MK289777	MK289674
<i>F. incarnatum</i>	CBS 132907	<i>Triticum</i> sp.	MN170477	-	MN170410	MN170343
<i>F. incarnatum</i>	NRRL 32867	Human	GQ505616	-	GQ505794	GQ505528
<i>F. ipomoeae</i>	CQ1099	<i>Rhododendron pulchrum</i> leaf	MK289573	MK289861	MK289727	MK289715
<i>F. ipomoeae</i>	LC12165 = CGMCC3.19496 (T)	<i>Ipomoea aquatica</i> leaf	MK289599	MK289859	MK289752	MK289704
<i>F. ipomoeae</i>	LC12166	<i>Lagenaria siceraria</i>	MK289600	MK289860	MK289753	MK289706
<i>F. ipomoeae</i>	LC5912	Submerged wood	MK289616	MK289850	MK289769	MK289666
<i>F. ipomoeae</i>	LC6926	<i>Oryza sativa</i>	MK289619	MK289851	MK289773	MK289670
<i>F. irregulare</i>	LC12145 = WMM0324	Bamboo	MK289582	MK289864	MK289737	MK289681
<i>F. irregulare</i>	LC12146 = WMM0325	Bamboo	MK289583	MK289865	MK289738	MK289682
<i>F. irregulare</i>	LC7188 = CGMCC3.19489 (T)	Bamboo	MK289629	MK289863	MK289783	MK289680
<i>F. luffae</i>	LC12167 = CGMCC3.19497 (T)	<i>Luffa aegyptiaca</i>	MK289601	MK289869	MK289754	MK289698
<i>F. luffae</i>	NRRL 31167	Human sputum	GQ505608	-	GQ505786	GQ505520
<i>F. monophialidicum</i>	NRRL 54973	Rhinoceros eye	MN170483	-	MN170416	MN170349
<i>F. multiceps</i>	CBS 130386 = NRRL 43639T	<i>Trichechus</i> sp.	GQ505666	-	GQ505844	GQ505577
<i>F. nanum</i>	CBS 131781	<i>Triticum</i> sp.	MN170487	-	MN170420	MN170353
<i>F. nanum</i>	CPC 35142 = CCF 1744	Soil	MN170488	-	MN170421	MN170354
<i>F. pernambucanum</i>	ARM 379/URM8598	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980981	ON981021	ON981048	ON981073
<i>F. pernambucanum</i>	ARM 708/URM8602	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON980996	ON981029	ON981056	ON981081
<i>F. pernambucanum</i>	CBS 133024	Human foot	MN170494	-	MN170494	MN170360
<i>F. pernambucanum</i>	NRRL 32864 = CBS 130312	Human	GQ505613	-	GQ505791	GQ505525
<i>F. pernambucanum</i>	NRRL 34070	Tortoise	GQ505642	-	GQ505820	GQ505554
<i>F.</i>	MUM 1862 = URM 7559	<i>Aleurocanthus woglumi</i>	LS398489	MH668869	LS398519	-

<i>pernambucanum</i>						
<i>F. persicinum</i>	CBS 132821	Soil	MN170497	-	MN170430	MN170363
<i>F. persicinum</i>	CBS 479.83T	Unknown	MN170495	-	MN170428	MN170361
<i>F. sulawense</i>	CBS 131.73 = ATCC 24386	<i>Musa sapientum</i> var. robusta	MN170500	-	MN170433	MN170366
<i>F. sulawense</i>	CBS 122439	Galia melon	MN170504	-	MN170437	MN170370
<i>F. sulawense</i>	InaCC F940T = Indo 138	<i>Musa acuminata</i>	LS479443	-	LS479855	LS479422
<i>F. tanahbumbuense</i>	CBS 131009	<i>Triticum</i> sp.	MN170506	-	MN170439	MN170372
<i>F. tanahbumbuense</i>	NRRL 34005	Human eye	GQ505629	-	GQ505807	GQ505541
FIESC 10	NRRL 3020 = FRC R-6053, 7.12 MRC	Unknown	GQ505586	-	GQ505764	GQ505498
FIESC 10	NRRL 3214 = FRC R-6054, 7.13 MRC	Unknown	GQ505587	-	GQ505765	GQ505499
FIESC 11	NRRL 36372 = CBS 235.79	Air	GQ505649	-	GQ505827	GQ505561
FIESC 13	NRRL 43635 = UTHSC 06-638	Horse	GQ505662	HM347188	GQ505840	GQ505573
FIESC 22	NRRL 34002 = UTHSC 95-1545	Human ethmoid sinus	GQ505626	HM347165	GQ505804	GQ505538
FIESC 23	NRRL 13379 = FRC R-5198	<i>Oryza sativa</i>	GQ505591	-	GQ505769	GQ505503
FIESC 24	NRRL 34005 = UTHSC 94-2471	Human intravitreal fluid	GQ505629	HM347168	GQ505807	GQ505541
FIESC 27	NRRL 20722 = IMI 190455	<i>Chrysanthemum</i> sp.	GQ505595	-	GQ505773	GQ505507
FIESC 30	NRRL 52758 = ARSEF 4714	<i>Prosapia</i> nr. <i>bicincta</i> on <i>Cynodon</i>	GQ505603	-	GQ505781	GQ505515
FIESC 31	ITEM11401	<i>Avena sativa</i>	LN901578	-	LN901611	LN901594
FIESC 32	CBS 143595	<i>Ganoderma</i> sp.	LT970778	-	LT970750	LT970731
FIESC 32	CBS 143596	<i>Stereum irsutum</i>	LT970779	-	LT970751	LT970732
FIESC 8	NRRL 43498	Human eye	GQ505658	HM347181	GQ505836	–
FIESC 8	NRRL 5537 = ATCC 28805	<i>Festuca</i> sp.	GQ505588	-	GQ505766	GQ505500
<i>F. concolor</i> Outgroup	NRRL 13459 = CBS 961.87 (T)	Plant debris	GQ505674	-	GQ505852	GQ505585

Tabela 3: Sequências dos isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium fujikuroi* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo.

Espécies	Número de acesso	Hospedeiro	TEF1	RPB1	RPB2	CAM
<i>F. acutatum</i>	CBS 401.97	<i>Cajanus cajan</i>	MW402124	MW402652	MW402813	MW402458
<i>F. acutatum</i>	CBS 402.97 ^T	Environmental	MW402125	MW402653	MW402768	MW402459
<i>F. agapanthi</i>	CBS 100193	<i>Agapanthus praecox</i>	MW401959	MW402491	MW402727	MW402363
<i>F. agapanthi</i>	NRRL 54463 ^T	<i>Agapanthus</i> sp.	KU900630	KU900620	KU900625	KU900611
<i>F. ananatum</i>	CBS 118516 ^T	<i>Ananas comosus</i>	LT996091	MW402507	LT996137	MW402376
<i>F. ananatum</i>	CBS 118517	<i>Ananas comosus</i>	MN533988	MW402508	MN534229	MN534157
<i>F. andiyazi</i>	CBS 119856	<i>Sorghum grain</i>	MN533989	MW402523	MN534286	MN534174
<i>F. andiyazi</i>	CBS 119857 ^T	<i>Sorghum bicolor</i> soil debris	MN193854	MW402524	LT996138	MN534175
<i>F. annulatum</i>	ARM 773/URM8549	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980999	ON981032	ON981059	ON981084
<i>F. annulatum</i>	CBS 181.30	<i>Zea mays</i>	MW402102	MW402625	–	MW402443
<i>F. annulatum</i>	CBS 226.49	<i>Gossypium seed</i>	MW402116	MW402642	–	MW402452
<i>F. annulatum</i>	CBS 258.54 ^T	<i>Oryza sativa</i>	MT010994	MT010944	MT010983	MT010908
<i>F. anthophilum</i>	CBS 222.76ET	<i>Euphorbia pulcherrima</i> stem	MW402114	MW402641	MW402811	MW402451
<i>F. anthophilum</i>	CBS 737.97	<i>Hippeastrum</i> sp.	MN533992	MW402695	MN534234	MN534160
<i>F. anthophilum</i>	NRRL 25214	<i>Hippeastrum</i> sp.	MN193857	MW402710	MN193885	–
<i>F. awaxy</i>	LGMF 1930T	<i>Rotten stalks of Zea mays</i>	MG839004	–	MK766941	MK766940
<i>F. awaxy</i>	NRRL 13827	<i>Corn cob</i>	MH582309	–	MH582073	–
<i>F. bactridioides</i>	CBS 100057T	<i>Cronartium conigenum</i> on	MN533993	MW402490	MN534235	MN534173
<i>F. bactridioides</i>	NRRL 20476	<i>Cronartium conigenum</i>	AF160290	–	–	AF158343
<i>F. begoniae</i>	CBS 452.97T	<i>Begonia elatior</i> hybrid	MN533994	MW402675	MN534243	MN534163
<i>F. begoniae</i>	CBS 110282	<i>Begonia elatior</i> hybrid	MW401968	–	–	–
<i>F. brevicatenulatum</i>	CBS 404.97T	<i>Striga asiatica</i>	MN533995	MW402655	MN534295	–
<i>F. brevicatenulatum</i>	CBS 100196	<i>Striga asiatica</i>	MN193859	MW402492	MN193887	–
<i>F. bulbicola</i>	CBS 220.76T	<i>Nerine bowdenii</i> bulb	KF466415	–	MW402767	MW402450
<i>F. chinhosense</i>	NRRL 25221T	<i>Zea mays</i>	MN534050	MW402711	MN534262	MN534196

<i>F. chinhoyiense</i>	NY 001B5	Soil	MN534051	MW402725	MN534263	MN534197
<i>F. circinatum</i>	CBS 405.97T	<i>Pinus radiata</i>	MN533997	MW402656	MN534252	MN534199
<i>F. circinatum</i>	CBS 100197	<i>Pinus taeda</i>	MW401960	MW402493	–	MW402364
<i>F. circinatum</i>	CBS 117843	<i>Pinus radiata</i>	MW401978	MW402506	MW402786	–
<i>F. coicis</i>	NRRL 66233T	<i>Coix gasteenii</i>	KP083251	–	KP083274	LT996178
<i>F. concentricum</i>	CBS 450.97T	<i>Musa fruit</i>	AF160282	MW402674	JF741086	MW402467
<i>F. concentricum</i>	CBS 453.97	<i>Musa sapientum</i>	MN533998	MW402676	MN534264	MN534216
<i>F. denticulatum</i>	ARM 313	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980969	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 314	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980970	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 315	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980971	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 323	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980973	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 343	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980974	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 383	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980982	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 384	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980983	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 387	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980984	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 406/URM8599	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980987	ON981024	ON981051	ON981076
<i>F. denticulatum</i>	ARM 413	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980988	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 494	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980989	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 513	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980990	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 514	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980991	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 629/URM8600	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON980992	ON981025	ON981052	ON981077
<i>F. denticulatum</i>	ARM 630	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON980993	ON981026	ON981053	ON981078
<i>F. denticulatum</i>	ARM 711	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON980997	ON981030	ON981057	ON981082
<i>F. denticulatum</i>	ARM 786	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981000	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 787	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981001	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 804	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981009	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 861	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981013	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 864	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981014	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 866	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981015	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 868	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981016	–	–	–

<i>F. denticulatum</i>	ARM 869	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981017	–	–	–
<i>F. denticulatum</i>	ARM 955	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON981018	ON981042	ON981070	ON981094
<i>F. denticulatum</i>	CBS 406.97	<i>Ipomoea batatas</i>	MN533999	MW402657	MN534273	MN534185
<i>F. denticulatum</i>	CBS 407.97T	<i>Ipomoea batatas</i>	MN534000	MW402658	MN534274	MN534186
<i>F. dlamini</i>	CBS 175.88	<i>Zea mays</i> soil	MN534002	MW402623	MN534256	MN534150
<i>F. dlamini</i>	CBS 481.94	Unknown	MN534003	MW402679	MN534257	MN534151
<i>F. dlamini</i>	CBS 671.94	Soil	MN534004	MW402690	MN534254	MN534152
<i>F. echinatum</i>	CBS 146497	unidentified tree	MW834273	MW834187	MW834004	MW834110
<i>F. elaeagni</i>	LC13627	<i>Elaeagnus pungens</i>	MW580466	MW024457	MW474412	MW566293
<i>F. ficicrescens</i>	CBS 125177	Environmental	MN534006	MW402545	MN534281	MN534176
<i>F. ficicrescens</i>	CBS 125178T	Environmental	KU604452	MW402546	KT154002	KU603958
<i>F. ficicrescens</i>	CBS 125181	Environmental	MN534007	MW402548	MN534282	MN534177
<i>F. fractiflexum</i>	NRRL 28852T	<i>Cymbidium</i> sp.	AF160288	–	LT575064	AF158341
<i>F. fredkrugeri</i>	CBS 408.97	Soil	MW402126	–	MW402814	MW402461
<i>F. fredkrugeri</i>	CBS 144209T	<i>Melhanian acuminata</i> rhizosphere	LT996097	LT996199	LT996147	LT996181
<i>F. fredkrugeri</i>	CBS 144495	<i>Melhanian acuminata</i> rhizosphere	LT996096	LT996198	LT996146	LT996180
<i>F. fujikuroi</i>	CBS 221.76T	<i>Oryza sativa</i> culm	MN534010	MW402640	KU604255	–
<i>F. fujikuroi</i>	CBS 119855	Environmental	MW401994	–	MW402735	MW402387
<i>F. globosum</i>	CBS 428.97T	<i>Zea mays</i> seed	KF466417	MW402668	KF466406	MN534218
<i>F. globosum</i>	CBS 120992	Maize kernels	MW401998	MW402529	MW402788	MW402390
<i>F. guttiforme</i>	CBS 409.97T	<i>Ananas comosus</i>	MT010999	MT010938	MT010967	MT010901
<i>F. guttiforme</i>	NRRL 22945	<i>Ananas comosus</i>	AF160297	JX171505	JX171618	AF158350
<i>F. hechiense</i>	LC13644	<i>Musa nana</i>	MW580494	MW024482	MW474440	MW566321
<i>F. hechiense</i>	LC13645	<i>Musa nana</i>	MW580495	MW024483	MW474441	MW566322
<i>F. konzum</i>	CBS 119848	Unknown	MW401991	–	–	–
<i>F. konzum</i>	CBS 119849T	<i>Sorghastrum nuttans</i>	LT996098	MW402519	MW402733	LT996182
<i>F. konzum</i>	CBS 139382	Derived from a cross of KSU 11615 and KSU 106534	MW402071	MW402598	MW402804	MW402418
<i>F. lactis</i>	CBS 411.97ET	<i>Ficus carica</i>	MN193862	MW402659	MN534275	MN534178
<i>F. lactis</i>	CBS 420.97	<i>Ficus carica</i>	MN534015	MW402667	MN534296	MN534181

<i>F. longicornicola</i>	NRRL 52706T	<i>Insect</i>	JF740788	–	JF741114	MW402487
<i>F. longicornicola</i>	NRRL 52712	<i>Insect</i>	JF740794	MW402716	JF741120	MW402488
<i>F. longicornicola</i>	NRRL 52713	<i>Insect</i>	JF740795	MW402717	JF741121	MW402489
<i>F. lumajangense</i>	InaCCF872T = Indo 63	<i>Musa sp. var. Pisang Raja Nangka</i>	LS479441	–	LS479850	–
<i>F. lumajangense</i>	InaCCF993 = Indo 214	<i>Musa acuminata var. Pisang Mas Kirana</i>	LS479442	–	LS479851	–
<i>F. madaense</i>	CBS 146651	<i>Sorghum</i>	MW402096	MW402617	MW402762	MW402437
<i>F. madaense</i>	CBS 146656	<i>Arachis hypogaea</i>	MW402097	MW402618	MW402763	MW402438
<i>F. madaense</i>	CBS 146669T	<i>Arachis hypogaea</i>	MW402098	MW402619	MW402764	MW402439
<i>F. mangiferae</i>	CBS 120994T	<i>Mango with malformation disease</i>	MN534017	MW402530	MN534271	MN534224
<i>F. mangiferae</i>	NRRL 25226	<i>Mangifera indica</i>	AF160281	MW402712	HM068353	AF158334
<i>F. mexicanum</i>	NRRL 53147T	<i>Mangifera indica</i>	GU737282	MG838088	MN724973	–
<i>F. mexicanum</i>	NRRL 53571	<i>Mangifera indica</i>	GU737420	–	–	GU737393
<i>F. mexicanum</i>	NRRL 53575	<i>Mangifera indica</i>	GU737286	–	–	–
<i>F. mundagurra</i>	RGB5717T	<i>Soil</i>	KP083256	–	KP083276	MN534214
<i>F. musae</i>	CBS 624.87T	<i>Musa sapientum fruit</i>	FN552086	MW402689	MW402772	MW402474
<i>F. musae</i>	CBS 115315	<i>Man, Tinea corporis</i>	MW401974	–	–	–
<i>F. musae</i>	NRRL 28893	<i>Musa sp.</i>	FN552092	–	FN552114	FN552070
<i>F. napiforme</i>	CBS 674.94	<i>Unknown</i>	MW402145	MW402692	–	MW402475
<i>F. napiforme</i>	CBS 748.97T	<i>Pennisetum typhoides</i>	MN193863	MW402701	MN534291	MN534192
<i>F. napiforme</i>	CBS 135139	<i>Keratitis (Human)</i>	MN534019	MW402572	MN534290	MN534183
<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 744.97	<i>Unknown</i>	AF160312	–	LT575065	AF158365
<i>F. nygamai</i>	CBS 413.97	<i>Oryza sativa</i>	MW402127	MW402660	MW402815	MW402462
<i>F. nygamai</i>	CBS 572.94	<i>Cajanus indicus</i>	MW402141	–	MW402819	MW402473
<i>F. nygamai</i>	CBS 749.97T	<i>Sorghum bicolor necrotic root</i>	MW402151	MW402703	EF470114	MW402479
<i>F. ophioides</i>	CBS 118509	<i>Phragmites mauritianus</i>	–	–	MN534297	MN534207
<i>F. ophioides</i>	CBS 118510	<i>Panicum maximum</i>	MN534020	–	MN534301	MN534201
<i>F. ophioides</i>	CBS 118511	<i>Panicum maximum</i>	MN534021	–	MN534299	MN534204
<i>F. panlongense</i>	LC13656	<i>Musa nana</i>	MW580510		MW474456	MW566337
				MW024498		
<i>F. parvisorum</i>	CMW 25267T	<i>Ornamental reed</i>	AF160308	–	–	AF158361

<i>F. phyllophilum</i>	CBS 216.76T	<i>Pinus patula</i>	KJ541060	–	–	–
<i>F. pilosicola</i>	NRRL 29123	<i>Leaf spot in Sansevieria dooneri</i>	MW402118	MW402644	–	MW402453
<i>F. pilosicola</i>	NRRL 29124T	<i>Bidens pilosa</i>	MN534054	–	MN534247	MN534165
<i>F. pininemorale</i>	CMW 25243	<i>Bidens pilosa</i>	MN534055	–	MN534248	MN534159
<i>F. pseudoanthophilum</i>	CBS 415.97	<i>Zea mays</i>	MW402128	MW402661	–	MW402463
<i>F. pseudoanthophilum</i>	CBS 745.97	<i>Zea mays</i>	MW402129	MW402662	–	–
<i>F. pseudocircinatum</i>	ARM 646/URM8601	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON980994	ON981027	ON981054	ON981079
<i>F. pseudocircinatum</i>	ARM 647	<i>Ipomoea batatas</i> stem	ON980995	ON981028	ON981055	ON981080
<i>F. pseudocircinatum</i>	CBS 449.97T	<i>Zea mays</i>	MW402149	MW402698	–	MW402477
<i>F. pseudocircinatum</i>	NRRL 36939	Unknown	MN193866	–	MW402779	–
<i>F. pseudonygamai</i>	CBS 416.97	<i>Pennisetum typhoides</i>	MN534030	MW402663	MN534283	MN534194
<i>F. pseudonygamai</i>	CBS 417.97T	<i>Pennisetum typhoides</i>	AF160263	MW402664	MN534285	AF158316
<i>F. proliferatum</i>	CBS 480.96	Soil	MN534059	–	MN534272	MN534217
<i>F. ramigenum</i>	CBS 418.97T	Soil	MN534031	MW402681	MN534284	MN534195
<i>F. ramigenum</i>	CBS 526.97	<i>Ficus carica</i>	KF466423	MW402665	KF466412	MN534187
<i>F. sacchari</i>	CBS 223.76ET	Unknown	MW402112	MW402635	–	–
<i>F. sacchari</i>	CBS 119829	Unknown	MW401984	MW402513	–	–
<i>F. sacchari</i>	CBS 119830	Unknown	MW401985	–	–	–
<i>F. sacchari</i>	CBS 121683	Unknown	MW401986	–	–	MW402381
<i>F. secorum</i>	NRRL 62593T	<i>Beta vulgaris</i>	KJ189225	–	–	KJ189235
<i>F. secorum</i>	NRRL 62594	<i>Beta vulgaris</i>	KJ189228	–	–	KJ189238
<i>F. siculi</i>	CBS 142222T= NRRL 27188	<i>Citrus sinensis</i>	LT746214	–	LT746327	LT746189
<i>F. siculi</i>	CPC 27189	<i>Citrus sinensis</i>	LT746215	–	LT746328	LT746190
<i>F. sterilihyposum</i>	NRRL 25623T	<i>Mango</i>	MN193869	MW402713	MN193897	AF158353
<i>F. sterilihyposum</i>	NRRL 53991	<i>Mangifera indica</i>	GU737413	–	–	GU737386
<i>F. sterilihyposum</i>	NRRL 53997	<i>Mangifera indica</i>	GU737414	–	–	GU737387

<i>F. sterilihyposum</i>	NRRL 54011	Unknown	GU737415	–	–	GU737388
<i>F. subglutinans</i>	CBS 215.76	<i>Zea mays</i>	MN534061	MW402636	MN534241	MN534171
<i>F. subglutinans</i>	CBS 536.95	Unknown	MW402139	MW402685	MW402836	MW402471
<i>F. subglutinans</i>	CBS 747.97NT	<i>Zea mays</i>	MW402150	MW402700	MW402773	MW402478
<i>F. subglutinans</i>	CBS 136481	Human blood	MW402059	MW402585	MW402748	MW402413
<i>F. subglutinans</i>	NRRL 66333	Unknown	MN193870	–	MN193898	–
<i>F. succisae</i>	CBS 187.34	<i>Zostera marina</i>	MW402109	–	MW402810	MW402448
<i>F. succisae</i>	CBS 219.76ET	<i>Succisa pratensis</i> flower	AF160291	MW402639	MW402766	AF158344
<i>F. sudanense</i>	CBS 454.97T	<i>Striga hermonthica</i>	MN534037	MW402677	MN534278	MN534179
<i>F. sudanense</i>	CBS 675.94	<i>Striga hermonthica</i>	MN534038	MW402693	MN534279	MN534182
<i>F. temperatum</i>	CBS 135541	Human, keratitis	MW402051	MW402578	–	–
<i>F. temperatum</i>	MUCL 52463T	<i>Zea mays</i>	–	–	MW402776	MW402486
<i>F. temperatum</i>	NRRL 25622	<i>Zea mays</i>	AF160301	–	LT970765	AF158354
<i>F. terricola</i>	CBS 483.94T	Soil	MN534042	MW402680	LT996156	MN534189
<i>F. terricola</i>	CBS 119850	Soil	MN534041	MW402520	MN534280	MN534180
<i>F. thapsinum</i>	CBS 539.79	Man, white grained mycetoma	MW402140	MW402686	MW402818	MW402472
<i>F. thapsinum</i>	CBS 776.96T	Unknown	MN534044	MW402704	MN534289	–
<i>F. tjaetaba</i>	NRRL 66243T	<i>Sorghum interjectum</i>	KP083263	–	KP083275	LT996187
<i>F. tupiense</i>	CML345	<i>Mangifera indica</i>	DQ452861	–	–	–
<i>F. tupiense</i>	NRRL 53984T	<i>Mangifera indica</i>	GU737404	LR792583	LR792619	GU737377
<i>F. tupiense</i>	NRRL 53996	<i>Mangifera indica</i>	DQ452860	–	–	–
<i>F. udum</i>	CBS 419.97	<i>Crotolaria juncea</i>	–	MW402666	MW402769	MW402464
<i>F. udum</i>	CBS 747.79	<i>Cajanus cajan</i>	MN193872	MW402699	MN534258	MN534154
<i>F. udum</i>	NRRL 25199ET	<i>Cajanus cajan</i>	KY498862	–	KY498875	–
<i>F. verticillioides</i>	CBS 218.76ET	<i>Zea mays</i> stem	MW402113	MW402638	–	MW402449
<i>F. verticillioides</i>	CBS 447.95	<i>Asparagus</i>	MW402133	MW402671	MW402770	MW402466
<i>F. verticillioides</i>	CBS 531.95	<i>Zea mays</i>	MW402136	MW402683	MW402771	MW402468
<i>F. verticillioides</i>	CBS 576.78	<i>Mycophilic</i>	MW402142	MW402687	–	–
<i>F. xyrophilum</i>	NRRL 62721T	<i>Xyris</i> spp.	MN193877	MW402721	MN193905	–
<i>F. xyrophilum</i>	NRRL 66890	<i>Xyris</i> spp.	MN193876	MW402724	MN193904	–

<i>F. xyrophilum</i>	NRRL 62710	<i>Xyris</i> spp.	MN193875	MW402720	MN193903	–
<i>F. triseptatum</i>	CBS 258.50	<i>Ipomoea batatas</i>	MH484964	MW928820	MH484873	MH484691
Outgroup						

Tabela 4: Sequências dos isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium oxysporum* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo.

Espécies	Número de acesso	Hospedeiro	TEF1	RPB1	RPB2	CAM
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 392	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980985	ON981022	ON981049	ON981074
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 395	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980986	ON981023	ON981050	ON981075
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 791	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981002	ON981033	ON981060	ON981085
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 792/URM8550	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981003	ON981034	ON981061	ON981086
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 793	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981004	ON981035	ON981062	ON981087
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 800	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981007	ON981037	ON981065	ON981089
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 802	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981008	ON981038	ON981066	ON981090
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 808/URM8552	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981010	ON981039	ON981067	ON981091
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 809/URM8553	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981011	ON981040	ON981068	ON981092
<i>Fusarium</i> <i>agrestense</i>	ARM 814	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981012	ON981041	ON981069	ON981093
<i>Fusarium callistephi</i>	CBS 187.53T	<i>Callistephus chinensis</i>	MH484966	-	MH484875	MH484693
<i>Fusarium callistephi</i>	CBS 115423	<i>Agathosma betulina</i>	MH484996	-	MH484905	MH484723
<i>F. carminascens</i>	CBS 144739 = CPC 25792	<i>Zea mays</i>	MH485025	-	MH484934	MH484752

<i>F. carminascens</i>	CBS 144740 = CPC 25793	<i>Z. mays</i>	MH485026	-	MH484935	MH484753
<i>F. carminascens</i>	CBS 144741 = CPC 25795	<i>Z. mays</i>	MH485027	-	MH484936	MH484754
<i>F. carminascens</i>	CBS 144738 = CPC 25800T	<i>Z. mays</i>	MH485028	-	MH484937	MH484755
<i>F. contaminatum</i>	CBS 114899T	<i>Pasteurized chocolate milk</i>	MH484992	-	MH484901	MH484719
<i>F. contaminatum</i>	CBS 117461	<i>Tetra pack with milky nutrition</i>	MH485002	-	MH484911	MH484729
<i>F. cugenangense</i>	CBS 620.72 = DSM 11271 = NRRL 36520	<i>Crocus sp.</i>	MH484970	-	MH484879	MH484697
<i>F. cugenangense</i>	CBS 130304 = BBA 69050 = NRRL 25433	<i>Gossypium barbadense</i>	MH485012	-	MH484921	MH484739
<i>F. cugenangense</i>	CBS 130308 = ATCC 26225 = NRRL 25387	<i>Human toe nail</i>	MH485011	-	MH484920	MH484738
<i>F. cugenangense</i>	CBS 131393	<i>Vicia faba</i>	MH485019	-	MH484928	MH484746
<i>F. cugenangense</i>	Indo 203 = InaCC F984	<i>Musa sp. var. Pisang Kepok</i>	LS479757	LS479560	LS479308	-
<i>F. curvatum</i>	CBS 247.61 = BBA 8398 = DSM 62308 = NRRL 22545	<i>Matthiola incana</i>	MH484967	-	MH484876	MH484694
<i>F. curvatum</i>	CBS 238.94 = NRRL 26422 = PD 94/184T	<i>Beaucarnia sp.</i>	MH484984	-	MH484893	MH484711
<i>F. curvatum</i>	CBS 141.95 = NRRL 36251 = PD 94/1518	<i>Hedera helix</i>	MH484985	-	MH484894	MH484712
<i>F. duoseptatum</i>	CBS 102026 = NRRL 36115	<i>Musa sapientum cv. Pisang ambon</i>	MH484987	-	MH484896	MH484714
<i>F. duoseptatum</i>	Indo 14 = InaCC F828	<i>Musa sp. var. Pisang Rastali</i>	LS479715	LS479520	LS479266	-
<i>F. elaeidis</i>	ARM 799/URM8551	<i>Ipomoea batatas stem rot</i>	ON981006	ON981036	ON981064	ON981088
<i>F. elaeidis</i>	CBS 217.49 = NRRL 36358	<i>Elaeis sp.</i>	MH484961	-	MH484870	MH484688
<i>F. elaeidis</i>	CBS 218.49 = NRRL 36359	<i>Elaeis sp.</i>	MH484962	-	MH484871	MH484689
<i>F. elaeidis</i>	CBS 255.52 = NRRL 36386	<i>Elaeis guineensis</i>	MH484965	-	MH484874	MH484692
<i>F. elaeidis</i>	LC13742	<i>Caryota mitis</i>	MW594328	MW024603	MW474561	-
<i>F. fabacearum</i>	CBS 144742 = CPC 25801	<i>Z. mays</i>	MH485029	-	MH484938	MH484756
<i>F. fabacearum</i>	CBS 144743 = CPC 25802T	<i>Glycine max</i>	MH485030	-	MH484939	MH484757
<i>F. fabacearum</i>	CBS 144744 = CPC 25803	<i>G. max</i>	MH485031	-	MH484940	MH484758
<i>F. foetens</i>	CBS 120665	<i>Nicotiana tabacum</i>	MH485009	-	MH484918	MH484736
<i>F. glycines</i>	CBS 176.33 = NRRL 36286	<i>Linum usitatissimum</i>	MH484959	-	MH484868	MH484686

<i>F. glycines</i>	CBS 214.49 = NRRL 36356	<i>Unknown</i>	MH484960	-	MH484869	MH484687
<i>F. glycines</i>	CBS 200.89	<i>Ocimum basilicum</i>	MH484979	-	MH484888	MH484706
<i>F. gossypinum</i>	CBS 116611	<i>Gossypium hirsutum</i>	MH484998	-	MH484907	MH484725
<i>F. gossypinum</i>	CBS 116612	<i>G. hirsutum</i>	MH484999	-	MH484908	MH484726
<i>F. gossypinum</i>	CBS 116613T	<i>G. hirsutum</i>	MH485000	-	MH484909	MH484727
<i>F. grosnichelli</i>	Indo 6 = InaCC 7820	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Ambon</i>	LS479810	-	LS479364	-
<i>F. grosnichelli</i>	Indo 18 = InaCC 7832	<i>Musa</i> sp. var. <i>Pisang Awak</i>	LS479738	LS479542	LS479289	-
<i>F. grosnichelli</i>	Indo 19 = InaCC 7833	<i>Musa</i> sp. var. <i>Pisang Awak</i>	LS479744	LS479548	LS479295	-
<i>F. hexaseptatum</i>	Indo 55 = InaCC F866	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Ambon Kuning</i>	LS479805	-	LS479359	-
<i>F. hoodiae</i>	CBS 132474T	<i>Hoodia gordonii</i>	MH485020	-	MH484929	MH484747
<i>F. hoodiae</i>	CBS 132476	<i>H. gordonii</i>	MH485021	-	MH484930	MH484748
<i>F. hoodiae</i>	CBS 132477	<i>H. gordonii</i>	MH485022	-	MH484931	MH484749
<i>F. inflexum</i>	NRRL 20433	-	-	-	-	AF158366
<i>F. kalimantanense</i>	Indo 110 = InaCC F917	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Ambon</i>	LS479690	LS479497	LS479241	-
<i>F. kalimantanense</i>	Indo 111 = InaCC F918	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Ambon</i>	LS479691	-	LS479242	-
<i>F. kalimantanense</i>	Indo 155 = InaCC F922	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Ambon</i>	LS479695	-	LS479246	-
<i>F. languescens</i>	CBS 645.78 = NRRL 36531T	<i>Solanum lycopersicum</i>	MH484971	-	MH484880	MH484698
<i>F. languescens</i>	CBS 646.78 = NRRL 36532	<i>S. lycopersicum</i>	MH484972	-	MH484881	MH484699
<i>F. languescens</i>	CBS 413.90 = ATCC 66046 = NRRL 36465	<i>S. lycopersicum</i>	MH484981	-	MH484890	MH484708
<i>F. languescens</i>	CBS 300.91 = NRRL 36416	<i>S. lycopersicum</i>	MH484982	-	MH484891	MH484709
<i>F. languescens</i>	CBS 302.91 = NRRL 36419	<i>S. lycopersicum</i>	MH484983	-	MH484892	MH484710
<i>F. libertatis</i>	CBS 144748 = CPC 25782	<i>Aspalathus</i> sp.	MH485023	-	MH484932	MH484750
<i>F. libertatis</i>	CBS 144747 = CPC 25788	<i>Aspalathus</i> sp.	MH485024	-	MH484933	MH484751
<i>F. libertatis</i>	CBS 144749 = CPC 28465T	<i>Rock surface</i>	MH485035	-	MH484944	MH484762
<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 129.24	<i>Secale cereale</i>	MH484955	-	MH484864	MH484682
<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 149.25 = NRRL 36261	<i>Musa</i> sp.	MH484956	-	MH484865	MH484683

<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 181.32 = NRRL 36303	<i>S. tuberosum</i>	MH484958	-	MH484867	MH484685
<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 758.68 = NRRL 36546	<i>S. lycopersicum</i>	MH484968	-	MH484877	MH484695
<i>F. odoratissimum</i>	CBS 794.70 = NRRL 22550	<i>Albizia julibrissin</i>	MH484969	-	MH484878	MH484696
<i>F. odoratissimum</i>	CBS 102030	<i>M. sapientum</i> cv. <i>Pisang mas</i>	MH484989	-	MH484898	MH484716
<i>F. odoratissimum</i>	CBS 130310 = NRRL 25603	<i>Musa</i> sp.	MH485013	-	MH484922	MH484740
<i>F. oxysporum</i>	CBS 221.49 = NRRL 22546	<i>Camellia sinensis</i>	MH484963	-	MH484872	MH484690
<i>F. oxysporum</i>	CBS 144134ET	<i>S. tuberosum</i>	MH485044	-	MH484953	MH484771
<i>F. oxysporum</i>	CBS 144135	<i>S. tuberosum</i>	MH485045	-	MH484954	MH484772
<i>F. oxysporum</i>	CPC 25822	<i>Protea</i> sp.	MH485034	-	MH484943	MH484761
<i>F. pharetrum</i>	CBS 144750 = CPC 30822	<i>Aliodendron dichotomum</i>	MH485042	-	MH484951	MH484769
<i>F. pharetrum</i>	CBS 144751 = CPC 30824T	<i>A. dichotomum</i>	MH485043	-	MH484952	MH484770
<i>F. sangayamense</i>	Indo 165 = InaCC F960	<i>Musa</i> sp. var. <i>Pisang Kepok</i>	LS479732	LS479537	LS479283	-
<i>F. trachichlamydosporum</i>	CBS 102028 = NRRL 36117	<i>M. sapientum</i> cv. <i>Pisang awak legor</i>	MH484988	-	MH484897	MH484715
<i>F. trachichlamydosporum</i>	Indo 158 = InaCC F958	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Barangan</i>	LS479729	LS479534	LS479280	-
<i>F. trachichlamydosporum</i>	Indo 159 = InaCC F959	<i>M. acuminata</i> var. <i>Pisang Barangan</i>	LS479730	LS479535	LS479281	-
<i>F. triseptatum</i>	CBS 258.50 = NRRL 36389T	<i>Ipomoea batatas</i>	MH484964	-	MH484873	MH484691
<i>F. triseptatum</i>	CBS 116619	<i>G. hirsutum</i>	MH485001	-	MH484910	MH484728
<i>F. veterinarianum</i>	CBS 109898 = NRRL 36153T	<i>Shark peritoneum</i>	MH484990	-	MH484899	MH484717
<i>F. veterinarianum</i>	CBS 117787	Swab sample near filling apparatus	MH485003	-	MH484912	MH484730
<i>F. veterinarianum</i>	CBS 117790	Swab sample near filling apparatus	MH485004	-	MH484913	MH484731
<i>F. veterinarianum</i>	CBS 117791	Pasteurized milk-based product	MH485005	-	MH484914	MH484732
<i>Fusarium</i> sp.	ARM 304/URM8544	<i>Ipomoea batatas</i> root rot	ON980968	ON981019	ON981043	ON981071
<i>Fusarium</i> sp.	ARM 346/URM8597	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980975	ON981020	ON981044	-

<i>Fusarium</i> sp.	ARM 367/URM8545	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980976	-	-	ON981072
<i>Fusarium</i> sp.	CBS 128.81 = NRRL 36233	<i>Chrysanthemum</i> sp.	MH484975	-	MH484884	MH484702
<i>Fusarium</i> sp.	CBS 680.89 = NRRL 26221	<i>Cucumis sativus</i>	MH484980	-	MH484889	MH484707
<i>Fusarium</i> sp.	CBS 130323	<i>Human nail</i>	MH485018	-	MH484927	MH484745
<i>F. udum</i> Outgroup	CBS 177.31	<i>Digitaria eriantha</i>	MH484957	-	MH484866	MH484684

Tabela 5: Sequências dos isolados pertencentes ao gênero *Neocosmospora* utilizados nas análises filogenéticas provenientes do GenBank e do presente estudo.

Espécies	Número de acesso	Hospedeiro	TEF1	RPB2
<i>Geejayessia celtidicola</i>	CBS 1255552	<i>Dead twig</i>	HM626644	HQ728153
<i>N. acutispora</i>	CBS 145461T = NRRL 22574 = BBA 62213	<i>Coffea arabica</i>	LR583593	LR583814
<i>N. ambrosia</i>	CBS 571.94ET = NRRL 22346 = BBA 65390 = MAFF 246287	<i>Euwallacea fornicatus</i> on	FJ240350	EU329503
<i>N. ambrosia</i>	NRRL 20438 = IMI 296597 = MAFF 246291	<i>Euwallacea fornicatus</i> on	AF178332	JX171584
<i>N. ampla</i>	CBS 202.32T = BBA 4170	<i>Coffea</i> sp.	LR583594	LR583815
<i>N. addoense</i>	CBS 146509	crown	MW248740	MW446574
<i>N. addoense</i>	CBS 146510	crown	MW248741	MW446575
<i>N. batatas</i>	CBS 144397 = NRRL 22400 = BBA 64683	<i>Ipomoea batatas</i>	AF178343	EU329509
<i>N. batatas</i>	CBS 144398T = NRRL 22402 = BBA 64954 = FRC S-0567	<i>Ipomoea batatas</i>	AF178344	FJ240381
<i>N. borneensis</i>	CBS 145462 = NRRL 22579 = BBA 65095 = GJS 85-197	<i>Bark or recently dead tree</i>	AF178352	EU329515
<i>N. bostrycoides</i>	CBS 239.39 = NRRL 22656	<i>Atta</i> sp. fungus garden	LR583595	LR583816
<i>N. bostrycoides</i>	CBS 102824	<i>Leaf litter</i>	LR583596	LR583817
<i>N. bostrycoides</i>	CBS 130328 = NRRL 31169	<i>Human oral wound</i>	DQ246923	EU329564
<i>N. brevicona</i>	CBS 203.31 = NRRL 22234 = BBA 2019	<i>Twig</i>	LR583599	LR583820

<i>N. brevis</i>	CBS 130326 = NRRL 28009 = CDC B-5543	Human eye	DQ246869	EF470136
<i>N. brevis</i>	CBS 144387T = MUCL 16108	Polluted soilwater	LR583601	LR583822
<i>N. brevis</i>	CPC 27190	<i>Citrus sinensis</i>	LT746199	LT746312
<i>N. catenata</i>	CBS 143228 = NRRL 54992 = UTHSC 09-1008	<i>Stegostoma fasciatum multiple tissues</i>	KC808213	KC808354
<i>N. catenata</i>	CBS 143229T = NRRL 54993 = UTHSC 09-1009	<i>Stegostoma fasciatum multiple tissues</i>	KC808214	KC808355
<i>N. citricola</i>	CBS 146512	<i>crown</i>	MW248746	MW446580
<i>N. citricola</i>	CBS 146513	<i>crown</i>	MW248747	MW173036
<i>N. crassa</i>	CBS 144386T = MUCL 11420	Unknown	LR583604	LR583823
<i>N. cryptoseptata</i>	CBS 145463T = NRRL 22412 = BBA 65024	<i>Bark</i>	AF178351	EU329510
<i>N. cucurbitae</i>	CBS 410.62 = NRRL 22658 = CECT 2864	<i>Cucurbita viciifolia</i>	DQ247640	LR583824
<i>N. cucurbitae</i>	CBS 616.66T = NRRL 22399 = BBA 64411	<i>Cucurbita viciifolia</i>	DQ247592	LR583825
<i>N. cucurbitae</i>	NRRL 22098 = GJS 92-25	<i>Cucurbit</i>	AF178327	EU329489
<i>N. cyanescens</i>	CBS 518.82T	Human foot	LR583605	LR583826
<i>N. cyanescens</i>	CBS 637.82	Human foot	LR583606	LR583827
<i>N. diminuta</i>	CBS 144390 = MUCL 18798T	<i>Coelocaryon preusii treated wood</i>	LR583607	LR583828
<i>N. elegans</i>	CBS 144395 = NRRL 22163 = MAFF 238540 = ATCC 18690	<i>Xanthoxylum piperitum branch</i>	AF178328	EU329496
<i>N. elegans</i>	CBS 144396ET = NRRL 22277 = MAFF 238541 = ATCC 42366	<i>Xanthoxylum piperitum trunk</i>	AF178336	FJ240380
<i>N. epipeda</i>	CBS 146523	<i>Bouvardia</i> sp	MW834285	MW834022
<i>N. epipeda</i>	CBS 146524	<i>Bouvardia</i> sp	MW834286	MW834023
<i>N. euwallaceae</i>	CBS 135854T = NRRL 54722 (ex-type of <i>Fusarium euwallaceae</i>)	<i>Euwallacea</i> sp. on <i>Persea americana</i>	JQ038007	JQ038028
<i>N. falciformis</i>	ARM 368	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980977	–
<i>N. falciformis</i>	ARM 369	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980978	ON981045
<i>N. falciformis</i>	ARM 374/URM8547	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980980	ON981047
<i>N. falciformis</i>	ARM 796	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON981005	ON981063
<i>N. falciformis</i>	CBS 475.67T = IMI 268681	Human mycetoma	LT906669	LT960558

<i>N. falciformis</i>	CBS 121450	<i>Declined grape vine</i>	JX435161	JX435261
<i>N. falciformis</i>	NRRL 43536 = CDC 2006743582	Human cornea	EF452966	EF470005
<i>N. ferruginea</i>	CBS 109028T = NRRL 32437	Human subcutaneous nodule	DQ246979	EU329581
<i>N. ferruginea</i>	NRRL 52705 = ARSEF 6587	Unknown	JF740787	JF741113
<i>N. floridanum</i>	NRRL 62628	Unknown	KC691535	KC691653
<i>N. gamsii</i>	CBS 217.53 = NRRL 22655	<i>Plywood</i>	DQ247637	LT960559
<i>N. gamsii</i>	CBS 700.86 = NRRL 22236	Unknown	DQ247624	LT960560
<i>N. gamsii</i>	CBS 130181 = NRRL 43502 = CDC 2006743469	Human cornea	DQ790488	DQ790576
<i>N. gamtoosensis</i>	CBS 146502	crown	MW248762	MW446611
<i>N. guarapiensis</i>	CBS 131752 = GJS 93-44	<i>Bark</i>	LR583608	LR583829
<i>N. haematococca</i>	CBS 119600ET = FRC S-1832 (ex-epitype of <i>Nectria haematococca</i>)	<i>Dying tree</i>	DQ247510	LT960561
<i>N. henyangensis</i>	HMAS 254518T	Twigs of unknown host	KY829448	–
<i>N. hypohenemi</i>	CBS 145464T = NRRL 52782 = ARSEF 5878	<i>Hypothenemus hampei</i>	JF740850	JF741176
<i>N. hypohenemi</i>	CBS 145466 = NRRL 52783 = ARSEF 5879	<i>Hypothenemus hampei</i>	JF740851	JF741177
<i>N. illudens</i>	NRRL 22090 = BBA 67606 = GJS 82-98	<i>Beilschmiedia tawa</i>	AF178326	JX171601
<i>N. ipomoeae</i>	CBS 353.87 = NRRL 22657	<i>Capsicum annuum</i>	DQ247639	LR583831
<i>N. ipomoeae</i>	CBS 354.87 = NRRL 22238	<i>Gerbera sp.</i>	LR583610	LR583832
<i>N. keleraja</i>	CBS 125720PT = FRC S-1837 = GJS 02-114	<i>On branch of unidentified tree</i>	LR583612	LR583834
<i>N. keleraja</i>	CBS 125722PT = FRC S-1836 = GJS 02-114	<i>On branch of unidentified tree</i>	DQ247515	LR583835
<i>N. keleraja</i>	FRC S-1839T = GJS 02-122	Trunk of Yakuda marang	DQ247518	–
<i>N. keratoplastica</i>	CBS 490.63T (ex-type of <i>Cephalosporium keratoplasticum</i>)	Human	LT906670	LT960562
<i>N. keratoplastica</i>	CBS 144389 = MUCL 18301	Greenhouse humic soil	LR583613	LR583836
<i>N. kuroshium</i>	CBS 142642T	<i>Euwallacea sp. on Platanus racemosa</i>	KX262216	LR583837
<i>N. kurunegalenis</i>	CBS 119599T = GJS 02-94	<i>Recently cut tree</i>	DQ247511	LR583838
<i>N. lerouxii</i>	CBS 146514	<i>root scaffold</i>	MW248768	MW446617
<i>N. lichenicola</i>	CBS 166.67T = IMUR 1797 (ex-type of <i>Moeszia pernambucensis</i>)	Soil	LR583614	LR583839

<i>N. lichenicola</i>	CBS 279.34T (ex-type of <i>Monacrosporium tedeschii</i>)	Human	LR583615	LR583840
<i>N. lichenicola</i>	CBS 279.59T = ATCC 13427 (type of <i>Mastigosporium heterosporium</i>)	Soil	LR583616	LR583841
<i>N. liriodendri</i>	CBS 117481T = NRRL 22389 = BBA 67587 = GJS 91-148	<i>Liriodendron tulipifera</i>	AF178340	EU329506
<i>N. longissima</i>	CBS 126407T = GJS 85-72	Tree bark	LR583621	LR583846
<i>N. macrospora</i>	CBS 142424T = CPC 28191	<i>Citrus sinensis</i>	LT746218	LT746331
<i>N. macrospora</i>	CPC 28193	<i>Citrus sinensis</i>	LT746220	LT746333
<i>N. martii</i>	CBS 115659	Unknown	JX435156	JX435256
<i>N. merksianum</i>	CBS 146625	<i>Chrysanthemum sp</i>	MW834288	MW834025
<i>N. merksianum</i>	CBS 146526	<i>Chrysanthemum sp</i>	MW834289	MW834026
<i>N. mori</i>	NRRL 22157	Unknown	AF178359	EU329493
<i>N. mori</i>	NRRL 22230	Unknown	AF178358	EU329499
<i>N. nelsonii</i>	CBS 309.75	<i>Pisum sativum</i>	MW847907	MW827671
<i>N. neerlandica</i>	CBS 232.34	<i>Pisum sativum</i>	MW847906	MW847903
<i>N. neocosmosporiellum</i>	NRRL 22436	Unknown	AF178348	EU329511
<i>N. nirenbergiana</i>	NRRL 22387	Unknown	AF178339	EU329505
<i>N. noneumartii</i>	CBS 115658	Unknown	JX435163	JX435263
<i>N. obolnga</i>	CBS 130325	Human eye	LR583631	LR583853
<i>N. oligoseptata</i>	NRRL 62579	Unknown	KC691538	KC691656
<i>N. obliquiseptata</i>	NRRL 62611	Unknown	KC691548	KC691666
<i>N. paraeumartii</i>	NRRL 13997	Potato	DQ247549	–
<i>N. parceramosum</i>	CBS 115695	Unknown	JX435149	JX435249
<i>N. parva</i>	CBS 466.70T = ATCC 28343	Silty loam soil	LR583632	LR583856
<i>N. perseae</i>	CBS 144142T = CPC 26829	<i>Persea americana</i>	LT991902	LT991909
<i>N. perseae</i>	CBS 144143 = CPC 26830	<i>Persea americana</i>	LT991903	LT991910
<i>N. perseae</i>	CBS 144144 = CPC 26831	<i>Persea americana</i>	LT991904	LT991911
<i>N. petroliphila</i>	CBS 203.32 = NRRL 13952	<i>Pelargonium sp.</i> root	DQ246835	LR583857
<i>N. petroliphila</i>	CBS 224.34 = NRRL 28579	Human toenail	DQ246910	LR583858
<i>N. petroliphila</i>	CBS 398.66	<i>Saccharum officinarum</i>	LR583633	LR583859

<i>N. phaseoli</i>	CBS 265.50	<i>Phaseolus</i> sp.	FJ919464	KJ511278
<i>N. phaseoli</i>	NRRL 22276 = ATCC 38466	<i>Phaseolus vulgaris</i>	AY220186	JX171608
<i>N. phaseoli</i>	NRRL 22743 = BBA 68441 = MAFF 239041	<i>Glycine max</i>	AY320145	EU329525
<i>N. plagianthi</i>	NRRL 22632	Unknown	AF178354	EU329519
<i>N. piperis</i>	CBS 145470T = NRRL 22570 = GJS 89-14 = CML 1888	<i>Piper nigrum</i>	AF178360	EU329513
<i>N. pisi</i>	CBS 178.47	<i>Pisum sativum</i>	LR583634	LR583860
<i>N. pisi</i>	CBS 181.29	<i>Solanum tuberosum</i>	JX435151	JX435251
<i>N. pisi</i>	CBS 188.34	Soil	LR583635	LR583861
<i>N. pisi</i>	CBS 231.31	<i>Quercus garyana</i>	JX435160	JX435260
<i>N. plagianthi</i>	NRRL 22632 = GJS 83-146	<i>Hoheria glabrata</i>	AF178354	JX171614
<i>N. protoensiformis</i>	CBS 145471T = NRRL 22178 = GJS 90-168	<i>Dicot tree</i>	AF178334	EU329498
<i>N. pseudensiformis</i>	CBS 130.78 = NRRL 22575 = NRRL 22653	<i>Cocos nucifera</i>	DQ247635	LR583868
<i>N. pseudoradicicola</i>	CBS 145472T = NRRL 25137 = ARSEF 2313	<i>Diseased cocoa pods</i>	JF740757	JF741084
<i>N. pseudoradicicola</i>	NRRL 25138 = ARSEF 2314	<i>Diseased cocoa pods</i>	JF740758	JF741085
<i>N. pseudotonkinensis</i>	CBS 143038	Human cornea	LR583640	LR583867
<i>N. quercicola</i>	CBS 141.90T = NRRL 22652	<i>Quercus cerris</i>	DQ247634	LR583869
<i>N. rekana</i>	CMW 52862	<i>Euwallacea similis</i>	MN249151	MN249137
<i>N. rectiphora</i>	CBS 125727T = GJS 02-89 = FRC S-1831	<i>Dead tree</i>	DQ247509	LR583871
<i>N. regularis</i>	CBS 190.35	<i>Phaseolus</i> sp.	LR583642	LR583872
<i>N. regularis</i>	CBS 230.34T	<i>Pisum sativum</i>	LR583643	LR583873
<i>N. riograndensis</i>	UFMG CM F12570T	Human nasal cavity	KX534002	KX534003
<i>N. robusta</i>	CBS 145473T = NRRL 22395 = BBA 65682	<i>Bark</i>	AF178341	EU329507
<i>N. samuelsii</i>	CBS 114067T = GJS 89-70	<i>Bark</i>	LR583644	LR583874
<i>N. silvicola</i>	CBS 119601 = GJS 98-135	<i>Populus nigra</i>	LR583645	LR583875
<i>N. silvicola</i>	CBS 123846T = GJS 04-147	<i>Liriodendron tulipifera</i>	LR583646	LR583876
<i>N. solani</i>	BPI 451321 (lectotype of <i>F. aduncisporum</i>)	<i>Melilotus alba</i> stems	LR583647	–
<i>N. solani</i>	CBS 140079ET = NRRL 66304 = GJS 09-1466 = FRC S-2364	<i>Solanum tuberosum</i>	KT313611	KT313623
<i>N. solani</i>	CBS 144393 = MUCL 34689	<i>Timber on tropical greenhouse</i>	LR583655	LR583882

<i>N. solani</i>	NRRL 22779 = IMI 307740	Human toenail	DQ246848	EU329526
<i>N. solani</i>	NRRL 28679	Unknown	DQ246912	EU329556
<i>N. solani</i>	NRRL 31168	Human toe	DQ246922	EU329563
<i>N. spathulata</i>	CBS 145474T = NRRL 28541 = UTHSC 98-1305	Human synovial fluid	DQ246882	EU329542
<i>N. stercicola</i>	CBS 142480T (ex-type of <i>F. witzenhousenense</i>)	<i>Hibiscus</i> sp. branch	KY556525	LR583886
<i>N. stercicola</i>	CBS 142481T = DSM 106211 (ex-type of <i>F. stercicola</i>)	Compost yard debris	LR583658	LR583887
<i>N. striata</i>	CBS 105.77T = NRRL 22427 = NRRL 22443 = ATCC 34720 =	Soil	DQ247604	LR583889
<i>N. suttoniana</i>	ARM 371/URM8546	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	ON980979	ON981046
<i>N. suttoniana</i>	CBS 143214T = NRRL 32858	Human wound	DQ247163	EU329630
<i>N. suttoniana</i>	CBS 143224 = NRRL 54972	Equine eye	KC808197	KC808336
<i>N. tauranensis</i>	NRRL 22231	rubber tree	DQ247552	KC691660
<i>N. theobromae</i>	BPI 453072NT	<i>Theobroma cacao</i> fruits and seeds	LR583660	–
<i>N. tonkinensis</i>	CBS 115.40T	<i>Musa sapientum</i>	LT906672	LT960564
<i>N. tonkinensis</i>	CBS 118931	<i>Solanum lycopersicum</i>	LR583662	LR583891
<i>N. vasinfecta</i>	CBS 325.54IT = IMI 251386 = ATCC 162388 = IFO 7591	Soil	LR583664	KM232370
<i>N. vasinfecta</i>	CBS 446.93T = IMI 316967 = NHL 2919 (ex-type of <i>N. boninensis</i>)	Soil	LR583670	LR583898
<i>N. vasinfecta</i>	CBS 533.65 = IMI 302625	Unknown	LR583671	LR583899
<i>N. vasinfecta</i>	CBS 562.70T = ATCC 32363 = IMI 251387	<i>Arachis hypogaea</i> nut	DQ247606	LR583901
<i>N. yamamotoi</i>	NRRL 22163	Unknown	AF178328	EU329496
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFS07	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524768	–
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFS08	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524769	–
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFS09	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524770	–
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFS11	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524771	–
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFS12	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524772	–
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFS18	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524773	–
<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFSE	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524774	–

<i>Neocosmospora</i> sp.	IBFSRJ	<i>Passiflora edulis</i> f. <i>flavicarpa</i>	JX524775	–
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-1)	NRRL 22231	<i>Beetle on Hevea brasiliensis</i>	KC691542	KC691631
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-1)	NRRL 46518	<i>Beetle on Hevea brasiliensis</i>	KC691543	KC691632
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-1)	NRRL 46519	<i>Beetle on Hevea brasiliensis</i>	KC691544	KC691633
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-3)	NRRL 62629	<i>Euwallacea interjectus</i> on	KC691536	KC691625
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-6)	NRRL 62590	<i>Euwallacea fornicatus</i> on	KC691546	KC691635
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-6)	NRRL 62591	<i>Euwallacea fornicatus</i> on	KC691545	KC691634
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-7)	NRRL 62610	<i>Euwallacea</i> sp. on <i>Persea americana</i>	KC691547	KC691636
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-7)	NRRL 62611	<i>Euwallacea</i> sp. on <i>Persea americana</i>	KC691548	KC691637
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-8)	NRRL 62584	<i>Euwallacea fornicatus</i> on	KC691554	KC691643
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-8)	NRRL 62585	<i>Euwallacea fornicatus</i> on	KC691549	KC691638
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-9)	NRRL 22643 = ATCC 44215	<i>Xyleborus ferrugineus</i>	DQ247628	KC691644
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-9)	NRRL 66088	<i>Beetle on Delonix regia</i>	KM406625	KM406646
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-10)	NRRL 62941 = IMI 351954	Unknown	KM406626	KM406647
<i>Neocosmospora</i> sp. (AF-11)	NRRL 62944	<i>Euwallacea</i> sp. on	KM406627	KM406648
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143203 = NRRL 32309 = UTHSC 00-1608	<i>Sea turtle</i>	DQ246937	EU329571
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143206 = NRRL 32317 = UTHSC 99-1886	<i>Treefish</i>	DQ246945	EU329575
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143212 = NRRL 32821 = FRC S-1230	<i>Turtle egg</i>	DQ247128	EU329625
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143220 = NRRL 54720 = UTHSC 10-3125	<i>Lined sea horse aquarium water</i>	JQ743207	JQ743211
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143221 = NRRL 54968	<i>Bonnet head shark</i>	LT906671	KC808332
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143222 = NRRL 54970 = UTHSC 05-175	<i>Antler crab</i>	KC808195	KC808334
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143223 = NRRL 54971 = UTHSC 05-2774	<i>Reptile bronchus</i>	KC808196	KC808335

<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143225 = NRRL 54974 = UTHSC 06-1538	<i>Honeycomb fish</i>	KC808198	KC808337
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143226 = NRRL 54979 = UTHSC 06-3660	<i>Kemps Ridley turtle</i>	KC808202	KC808342
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143227 = NRRL 54982 = UTHSC 07-1869	<i>Kemps Ridley turtle</i>	KC808205	KC808345
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	CBS 143230 = NRRL 62549 = UTHSC 08-1422	<i>Horseshoe crab</i>	KC808220	KC808352
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	NRRL 22642 = ATCC 38341	<i>Penaceous japonicus gill</i>	DQ246844	EU329522
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	NRRL 22834	<i>Lobster</i>	DQ247663	FJ240382
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	NRRL 25392 = ATCC 32752	<i>American lobster</i>	DQ246861	EU329537
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	NRRL 46704 = FMR 7140	<i>Aquarium sand</i>	–	EU329662
<i>Neocosmospora</i> sp. (FSSC 12)	NRRL 46705 = FMR 7141	<i>Aquarium sand</i>	–	EU329663
<i>Geejayessia celtidicola</i> Outgroup	CBS 1255552	<i>Dead twig</i>	HM626644	HQ728153

4.4 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA

Para determinar as taxas de crescimento micelial e as cores das colônias, blocos de ágar de 5 mm de diâmetro foram transferidos de culturas 6d para o centro de placas de Petri contendo Batata Dextrose Agar (BDA). Três placas replicadas para cada isolado foram incubadas a 25°C e 30°C no escuro. Os diâmetros das colônias foram medidos diariamente por 4 dias e a taxa de crescimento micelial (mm/dia) foi calculada. Após 7 dias, as cores das colônias foram graduadas de acordo com a Tabela de Cores Micológicas (Rayner, 1970). Para caracterizar os conídios produzidos em micélio aéreo, conidióforos e clamidósporos isolados de fungos foram cultivados por 12 dias em Ágar Sintético pobre em nutrientes (SNA) a 25°C sob alternância de 12h escuro/12h mistura de luz fluorescente branca fria e ciclo de luz ultravioleta (UV). Conídios esporodoquiais e conidióforos foram examinados a partir de ágar folha de cravo (CLA) após 12 dias de crescimento a 25°C sob alternância de 12h de escuro/12h de luz branca fria fluorescente e ciclo de luz ultravioleta (UV).

4.5 TESTE DE PATOGENICIDADE

4.5.1 Inoculação em Raiz

Isolados representativos de cada espécie foram selecionados para inoculação em raízes de batata-doce. Os fungos foram cultivados em BDA e após sete dias de crescimento, foram realizadas as inoculações. O processo consistiu em raspar o micélio fúngico cultivado em placa de Petri com palitos de madeira esterilizados e posteriormente introduzi-lo na região central das raízes a uma profundidade média de 1,5 cm. As raízes inoculadas (cv Canadense) foram incubadas em caixas plásticas e mantidas em temperatura ambiente por 20 dias. Cinco raízes saudáveis foram usadas para servir como repetições para cada tratamento e cinco repetições para servir como controle para o teste. Para o controle, o mesmo procedimento foi realizado, exceto que palitos de madeira esterilizados raspados em meio de cultura BDA foram introduzidos nas raízes.

Após 20 dias de incubação, o experimento foi avaliado observando a manifestação dos sintomas. As raízes foram cortadas ao meio no sentido do comprimento para visualização dos sintomas no interior do tecido. Fragmentos de tecidos sintomáticos com tamanho médio de 1 cm² foram retirados e utilizados para isolamento indireto seguindo a mesma metodologia do isolamento dos patógenos e os isolados recuperados foram comparados aos originalmente inoculados para confirmar a patogenicidade de acordo com o estabelecido pelo Postulado de Koch.

4.5.2 Inoculação em Ramas

Ramas sadias pertencentes à variedade Grafina, provenientes de um plantio de batata-doce na estação experimental de Itapirema, pertencente ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), localizado na cidade de Goiana-PE, foram plantadas em vasos de aproximadamente 500mL contendo solo autoclavado três vezes a 120°C por 30 minutos e mantido em casa de vegetação por 30 dias para crescimento de ramas sadias. Isolados representativos de cada espécie de fitopatógeno e endófito previamente selecionados foram transferidos para placas contendo meio de cultura BDA e incubados por sete dias à temperatura de 25°C.

Em seguida foram colocados em frascos Erlenmayer contendo 50 gramas de arroz e 10 ml de água destilada esterilizada. A inoculação em ramas de batata-doce consistiu em fazer feridas superficiais na região basal das hastes com o auxílio de uma lâmina de bisturi esterilizada, na qual foi depositado um grão de arroz colonizado com o micélio fúngico de cada espécie selecionada. Cinco ramas saudáveis foram usadas para servir como repetições para cada espécie de fungo e cinco repetições para servir como controle para o teste. Nas ramas que serviram de controle, apenas um grão de arroz esterilizado foi depositado sobre as feridas.

Posteriormente, o aparecimento de sintomas foi monitorado periodicamente por 30 dias, após esse período houve a avaliação do experimento. As plantas foram cortadas ao meio no sentido do comprimento para observação das lesões internas. Fragmentos de tecidos sintomáticos foram cortados com tamanho médio de 1cm² e utilizados para isolamento indireto seguindo a mesma metodologia do isolamento dos patógenos. Os isolados recuperados foram comparados aos originalmente inoculados para comprovar a patogenicidade seguindo o Postulado estabelecido por Koch.

5 RESULTADOS

5.1 ISOLAMENTO DE FUNGOS E SINTOMATOLOGIA

Todas as amostras de raízes tuberosas sintomáticas apresentaram sintomas característicos de podridão, como a presença de manchas de aspecto acastanhado na parte externa das raízes. Na parte interna foi possível observar a presença de lesões necróticas com coloração marrom a preta, e em alguns casos foi possível observar crescimento micelial na superfície das raízes. As ramas sintomáticas coletadas com podridão geralmente apresentavam lesões acastanhadas e aparência seca na parte externa. Em seu interior, foi possível observar a presença de lesões contínuas acastanhadas presentes no sistema vascular. A maioria das plantas observadas apresentou murcha e amarelecimento das folhas (Figura 1).

Cento e quarenta e quatro espécimes fúngicos foram obtidos das amostras sintomáticas. Dentre estes, 44 isolados dos isolados fitopatogênicos tiveram sua identificação confirmada para os gêneros

fusarioides *Fusarium* e *Neocosmospora*. Espécimes fúngicos de outros gêneros, incluindo *Lasiodiplodia*, *Neoscytalidium*, *Macrophomina*, *Colletotrichum*, *Diaporthe* e *Geotrichum* também foram isolados.

Noventa e dois espécimes de fungos endofíticos foram obtidos de ramas sadias de batata-doce, dos quais 7 dos isolados endofíticos tiveram sua identificação confirmada para os gêneros fusarioides *Fusarium* e *Neocosmospora*. Espécies fúngicas de outros gêneros, incluindo *Xylaria*, *Colletotrichum*, *Diaporthe*, *Nigrospora* e *Pseudofusicocum* também foram isoladas das amostras.

Em conclusão, um total de 44 isolados pertencentes aos gêneros *Fusarium* e *Neocosmospora* foram obtidos de ramas e raízes com sintomas de podridão e 7 isolados de ramas sadias (endofíticos), totalizando 51 isolados.

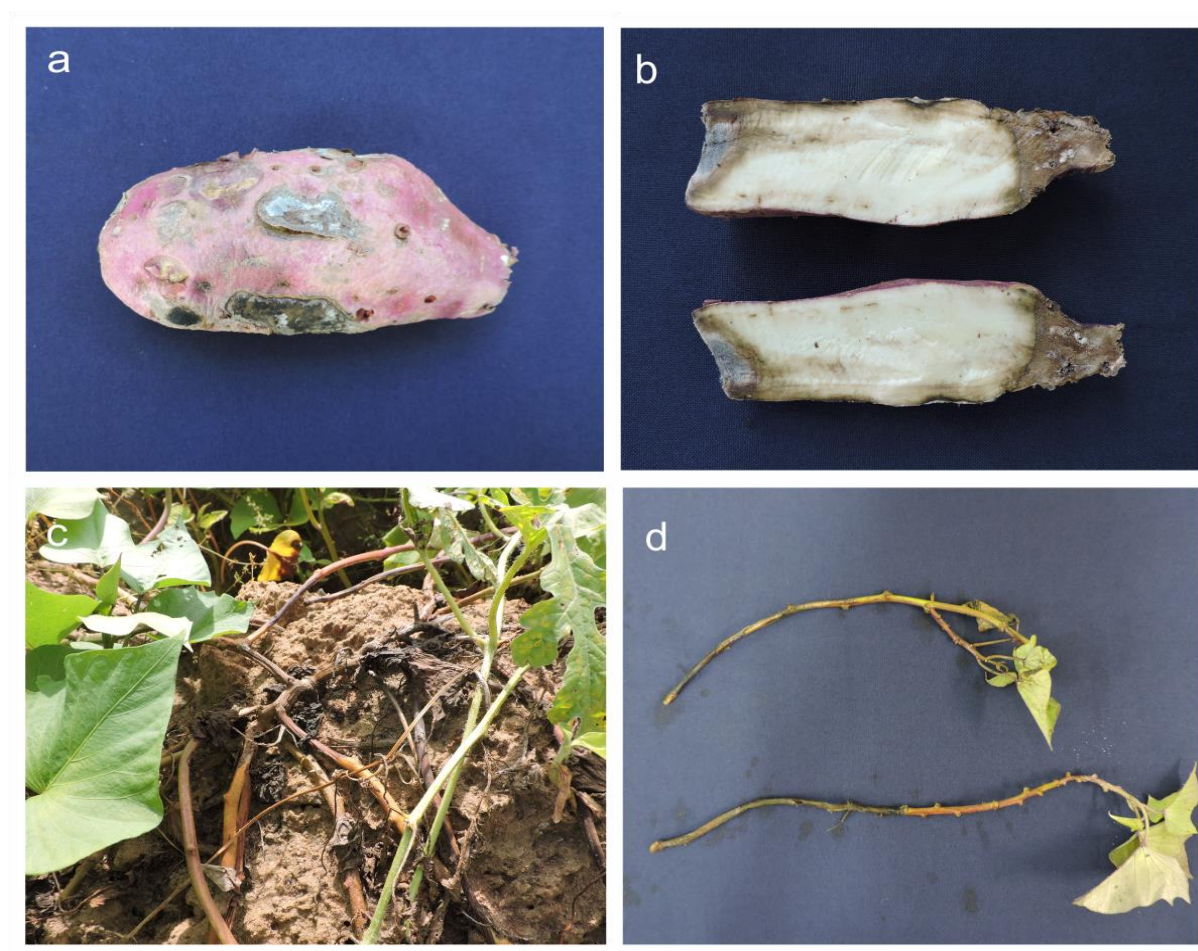


Figura 1: Sintomas de Podridão pós-colheita em raízes e ramas de batata-doce causados por espécies pertencentes ao gênero *Fusarium* e *Neocosmospora*. **(a)** Raiz de batata-doce com presença de lesões de coloração amarronzada na região externa da casca **(b)** Raízes de batata-doce com sintomas internos de podridão ocasionada por fungos **(c-d)** Ramas com lesões necróticas característica de sintomas de podridão.

5.2 ANÁLISES FILOGENÉTICAS

As espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* às quais pertencem os isolados foram identificadas com base na análise filogenética de sequências de DNA. As sequências geradas para as regiões dos genes *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* estão disponíveis no GENBANK (ON980968-ON981094). As sequências *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* obtidas foram de aproximadamente 600, 800, 900 e 700 pb, respectivamente. Os 46 isolados de *Fusarium* identificados no presente estudo pertenciam a 10 espécies diferentes distribuídas em três complexos de espécies: complexo de espécies *F. incarnatum-equiseti* (FIESC), complexo de espécies *Fusarium fujikuroi* (FFSC) e complexo de espécies *F. oxysporum* (FOSC). Os 5 isolados de *Neocosmospora* pertenciam a duas espécies: *Neocosmospora suttoniana* e *Neocosmospora falciformis*.

Em se tratando da região do gene *TEF1*, os modelos de substituição estabelecidos foram GTR+I+G para as espécies do FIESC, FFSC, FOSC e *Neocosmospora*. Para a região do gene *RPB2*, os modelos de substituição definidos foram GTR+I+G para as espécies do FIESC e FFSC, GTR+G para o FOSC e SYM+I+G para *Neocosmospora*. Em relação à região do gene *RPB1*, os modelos de substituição gerados foram SYM+I+G para as espécies do FIESC, SYM+G para as espécies do FFSC e SYM+I para as espécies do FOSC. Para a região do gene *CAM*, os modelos de substituição gerados foram SYM+G para as espécies do FIESC, FFSC e FOSC.

Três árvores filogenéticas foram geradas, contendo a combinação das regiões gênicas *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* para o FIESC (Figura 2), para o FFSC (Figura 3) e para o FOSC (Figura 4). Uma árvore filogenética com a combinação das regiões gênicas *TEF1* e *RPB2* foi gerada para o gênero *Neocosmospora* (Figura 5).

A partir das árvores geradas, foi possível observar que as sequências das espécies de *Fusarium* obtidas no estudo foram agrupadas da seguinte forma: dentro da FIESC, as sequências dos isolados ARM 379 e ARM 708 formaram um clado com as sequências de *F. pernambucanum* (URM 6801, URM 6810, URM 6812 e CBS 133024), e os isolados ARM 302 e ARM 772 formaram um clado com sequências de *F. caatingaense* (URM 6779, CBS 976.97 e NRRL 34003).

Dentro do FFSC, as sequências dos isolados ARM 313, ARM 314, ARM 315, ARM 323, ARM 343, ARM 383, ARM 384, ARM 387, ARM 406, ARM 413, ARM 494, ARM 513, ARM 514, ARM 629, ARM 630, ARM 711, ARM 786, ARM 787, ARM 804, ARM 861, ARM 864, ARM 866, ARM 868, ARM 869 e ARM 955 foram agrupados com sequências de *F. denticulatum* (CBS 406.97 e CBS 407.97). Sequências dos isolados ARM 646 e ARM 647 foram agrupadas com sequências de *F. pseudocircinatum* (CBS 499.97 e NRRL 36939). A sequência do isolado ARM 773 agrupou-se com as sequências de *F. annulatum* (CBS 226.49, CBS 258.54 e CBS 181.30). A sequência do isolado ARM

799 formou um clado altamente suportado com os isolados de *F. elaeidis* (CBS 217.49, CBS 218.49, CBS 255.52 e LC13742).

No FOOSC, as sequências dos isolados ARM 304, ARM 346 e ARM 367 não formaram clados com outras sequências de isolados conhecidos. No entanto, eles não possuem suporte filogenético suficiente para representar uma novidade taxonômica e, portanto, serão representados por *Fusarium* sp¹, *Fusarium* sp² e *Fusarium* sp³. As sequências dos isolados ARM 392, ARM 791, ARM 395, ARM 792, ARM 793, ARM 800, ARM 802, ARM 808, ARM 809 e ARM 814 não formaram clados com outras sequências de isolados conhecidos e possuem um alto valor de suporte de o clado, indicando que se trata de uma novidade taxonômica proposta aqui como *F. agrestense*.

Em relação ao gênero *Neocosmospora*, as sequências dos isolados ARM 368, ARM 369, ARM 374 e ARM 796 agrupadas com *N. falciformis* (CBS 1214.50, CBS 475.67 e NRRL 43529.) e a sequência do isolado ARM 371 agrupadas com *N. suttoniana* (NRRL 32858 e NRRL 54972) formando clados com altos valores de suporte.

Quanto à distribuição dos táxons obtidos no estudo dentro dos complexos de espécies, os isolados obtidos provêm de ramas e raízes com sintomas de podridão e ramas sadias coletados nos estados de Pernambuco e Minas Gerais (Tabela 6).

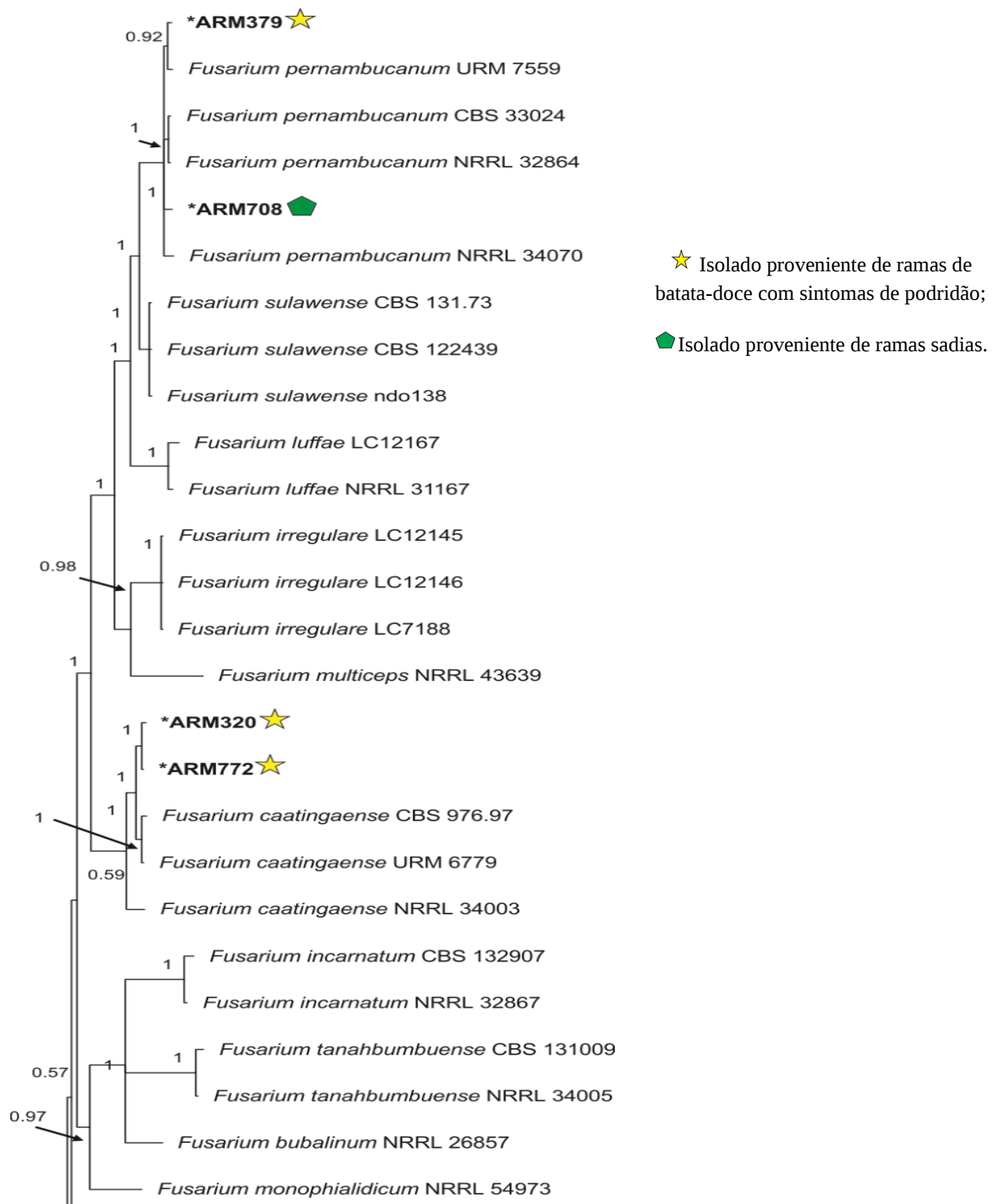


Figura 2 - Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* do complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti*. As probabilidades são indicadas acima dos nós. A árvore foi enraizada com *Fusarium concolor* 13459. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito e indicados com um asterisco.

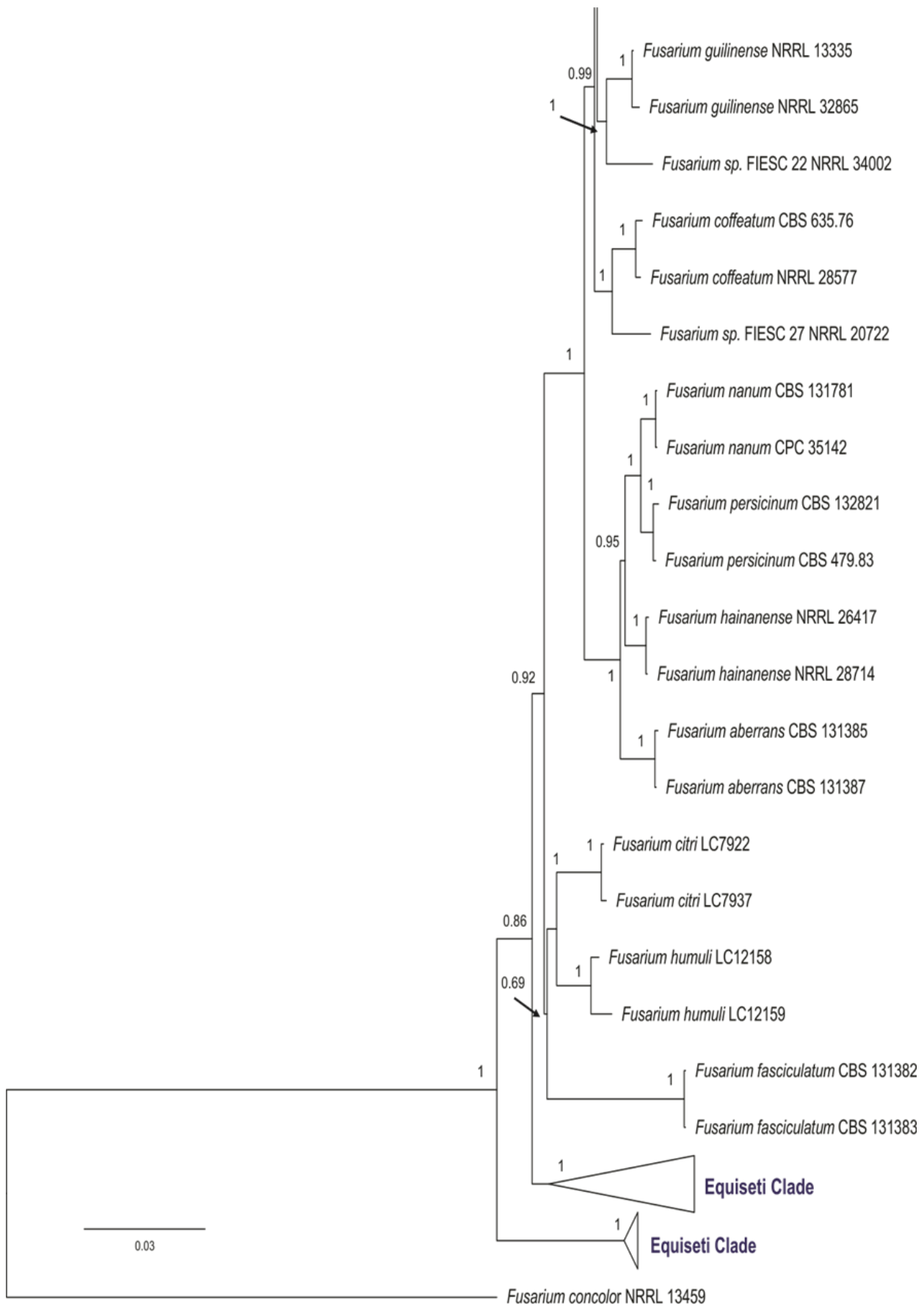


Figura 2 – Continuação.

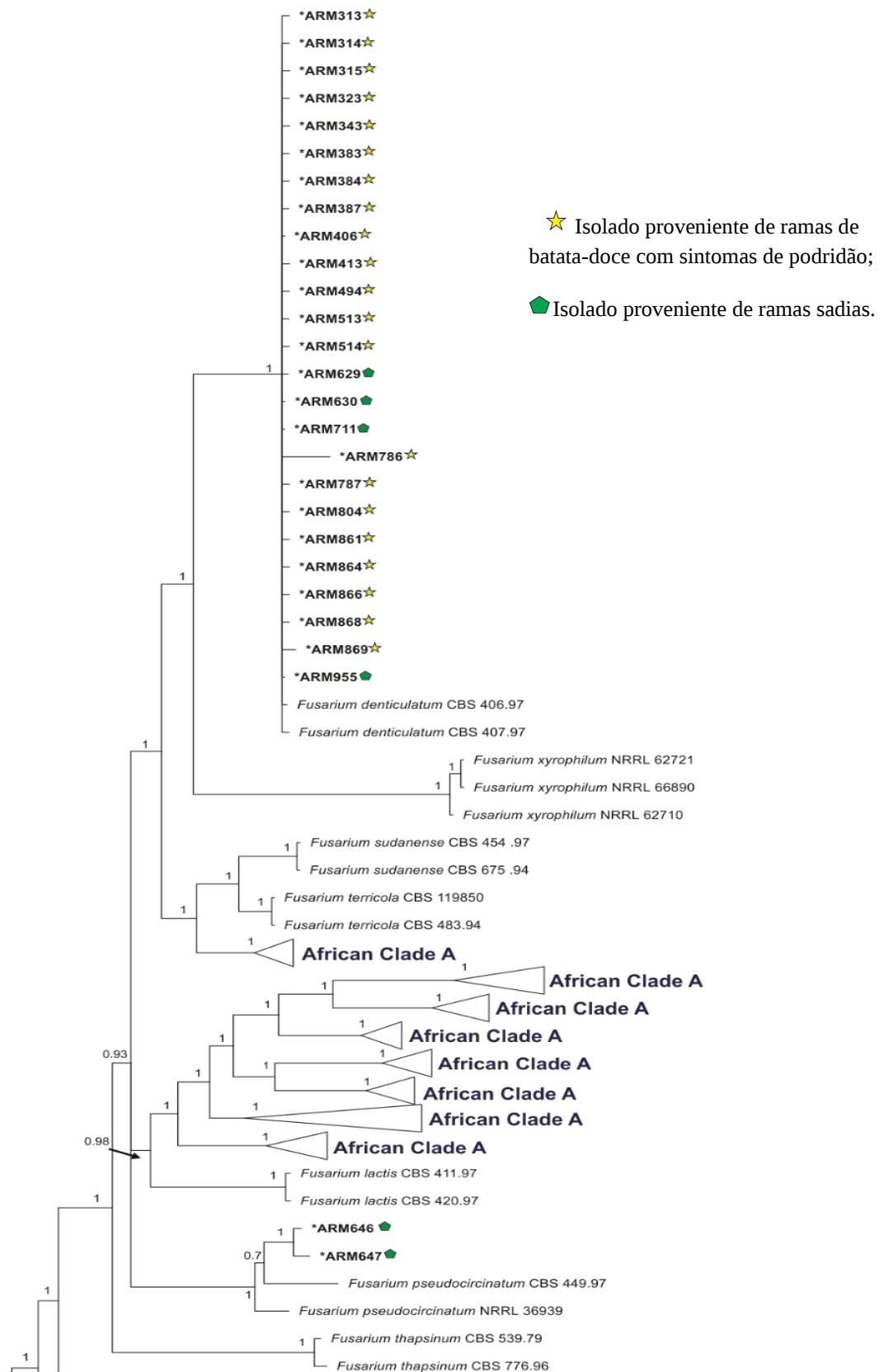


Figura 3: - Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* do complexo de espécies *Fusarium fujikuroi*. As probabilidades são indicadas acima dos nós. A árvore foi enraizada com *Fusarium triseptatum* CBS 258.50. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito e indicados com um asterisco.

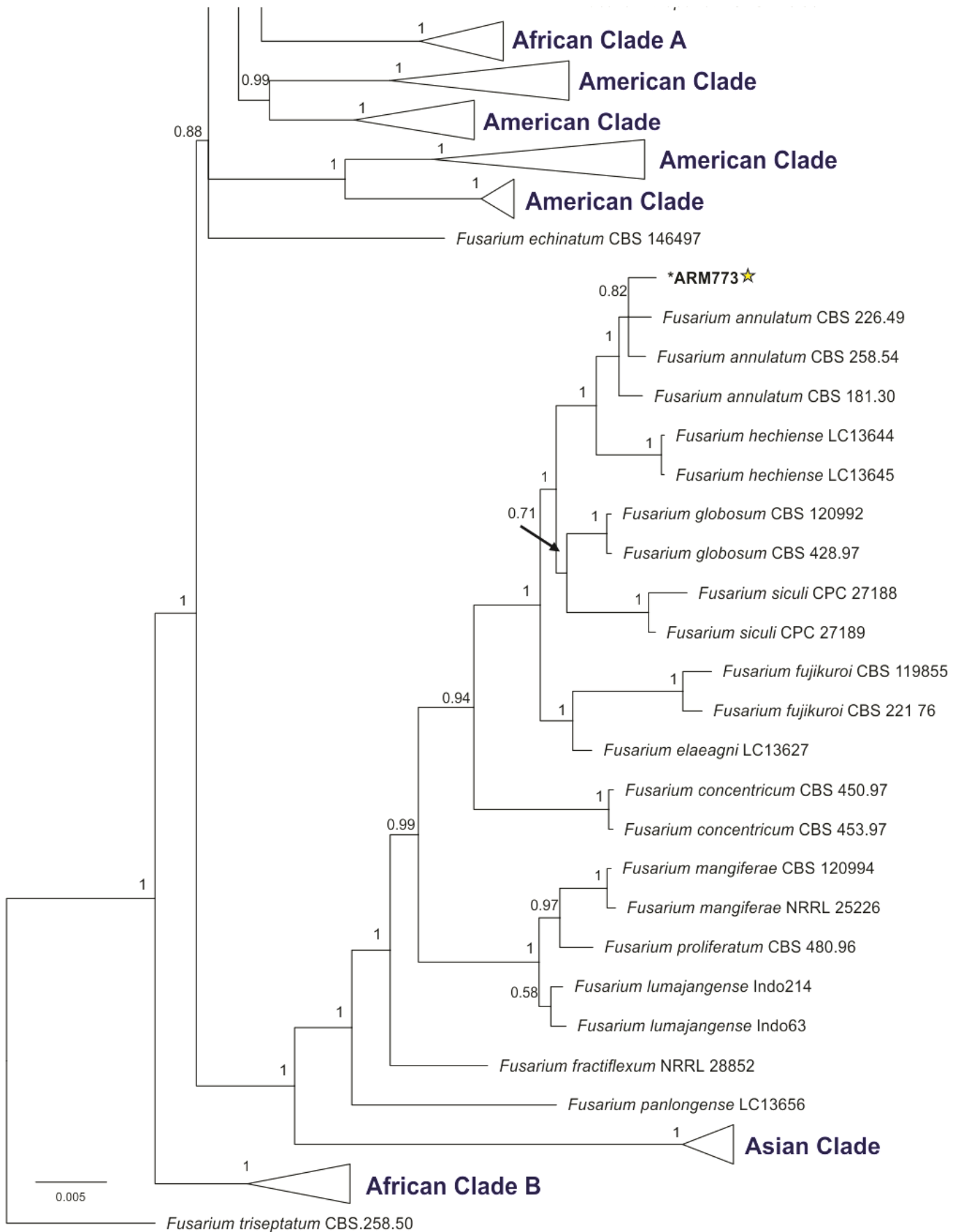


Figura 3: - Continuação.

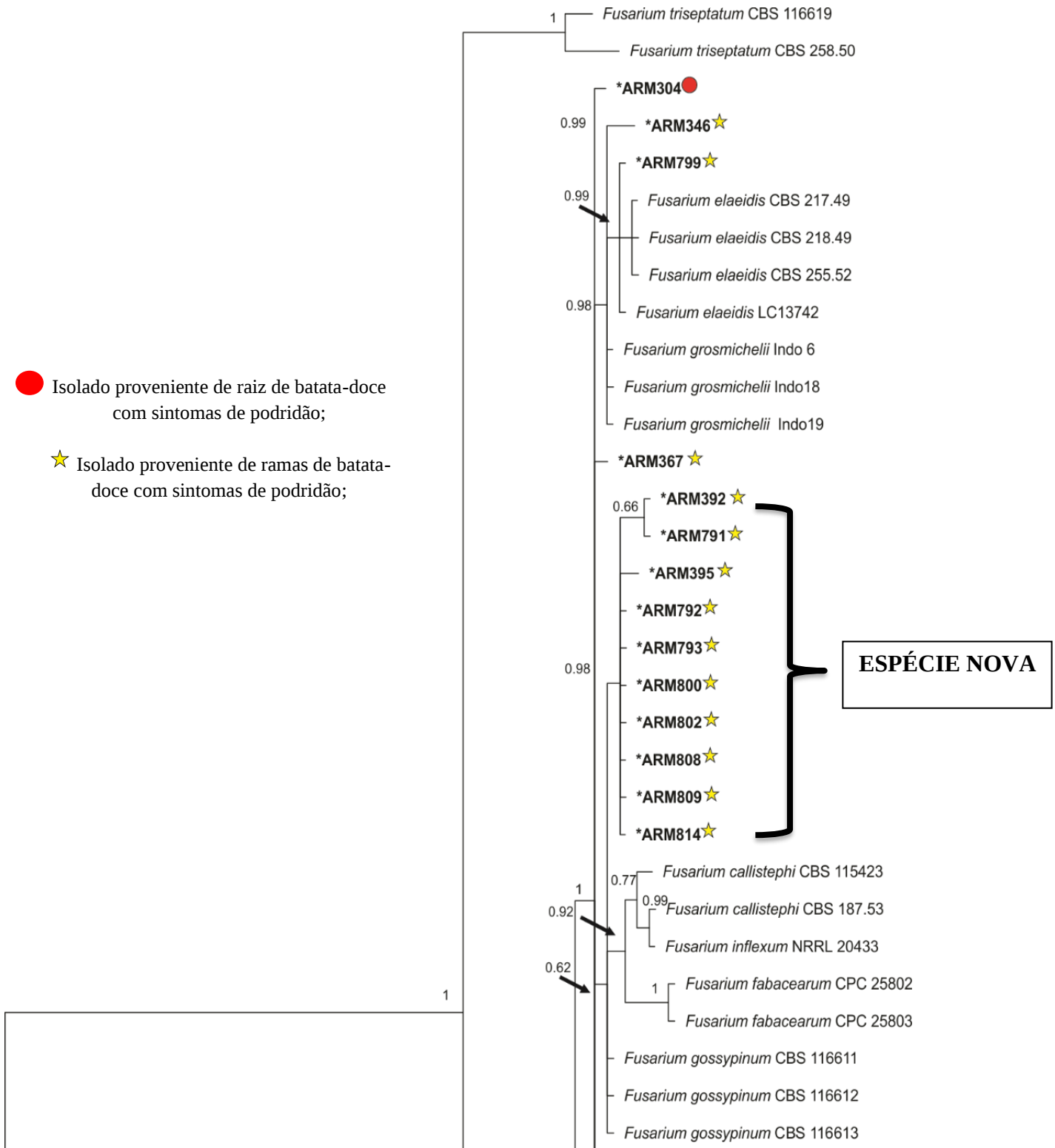


Figura 4 - Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1*, *RPB2*, *RPB1* e *CAM* do complexo de espécies *Fusarium oxysporum*. As probabilidades são indicadas acima dos nós. A árvore foi enraizada com *Fusarium udum* CBS 177.31. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito e indicados com um asterisco.

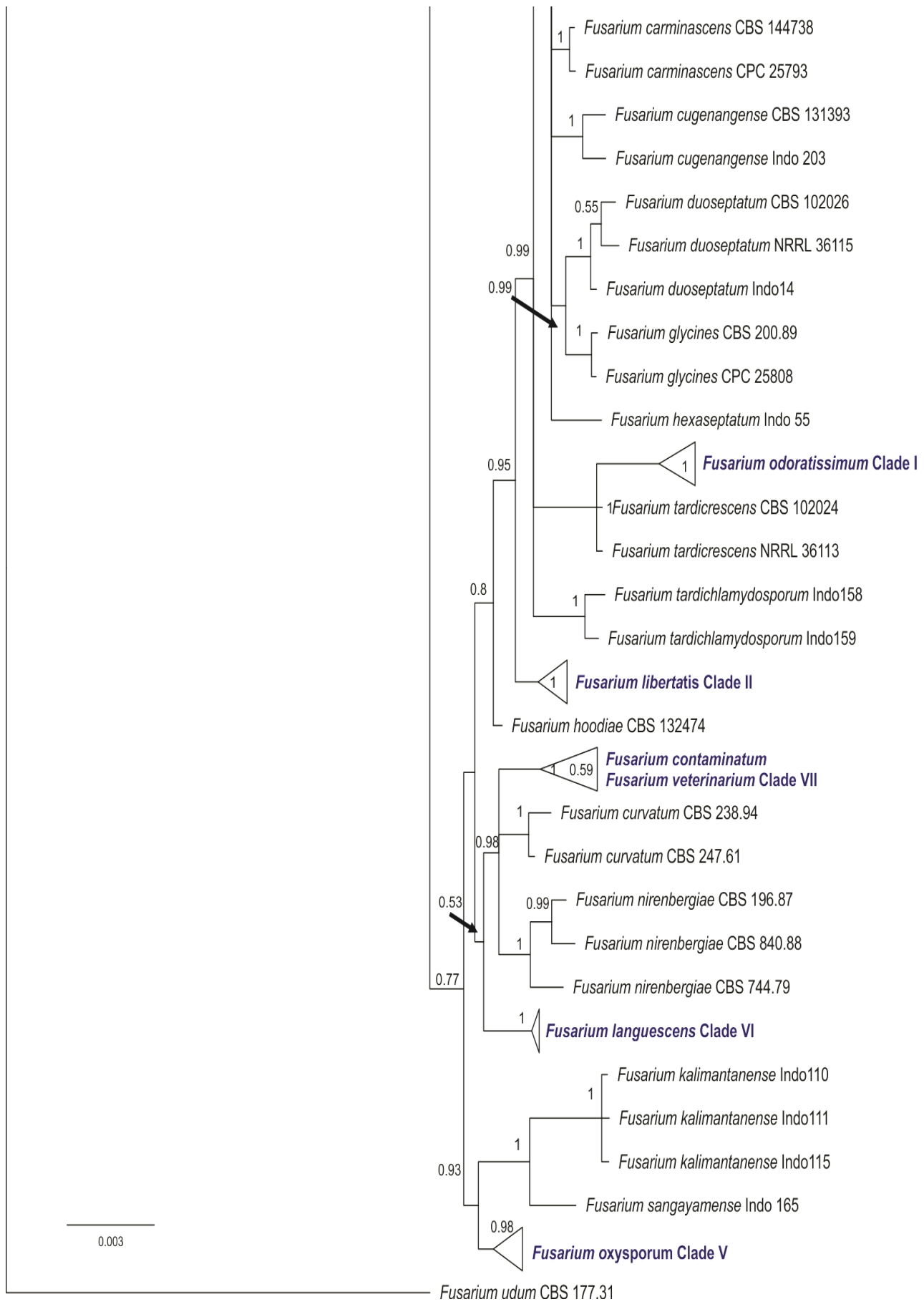
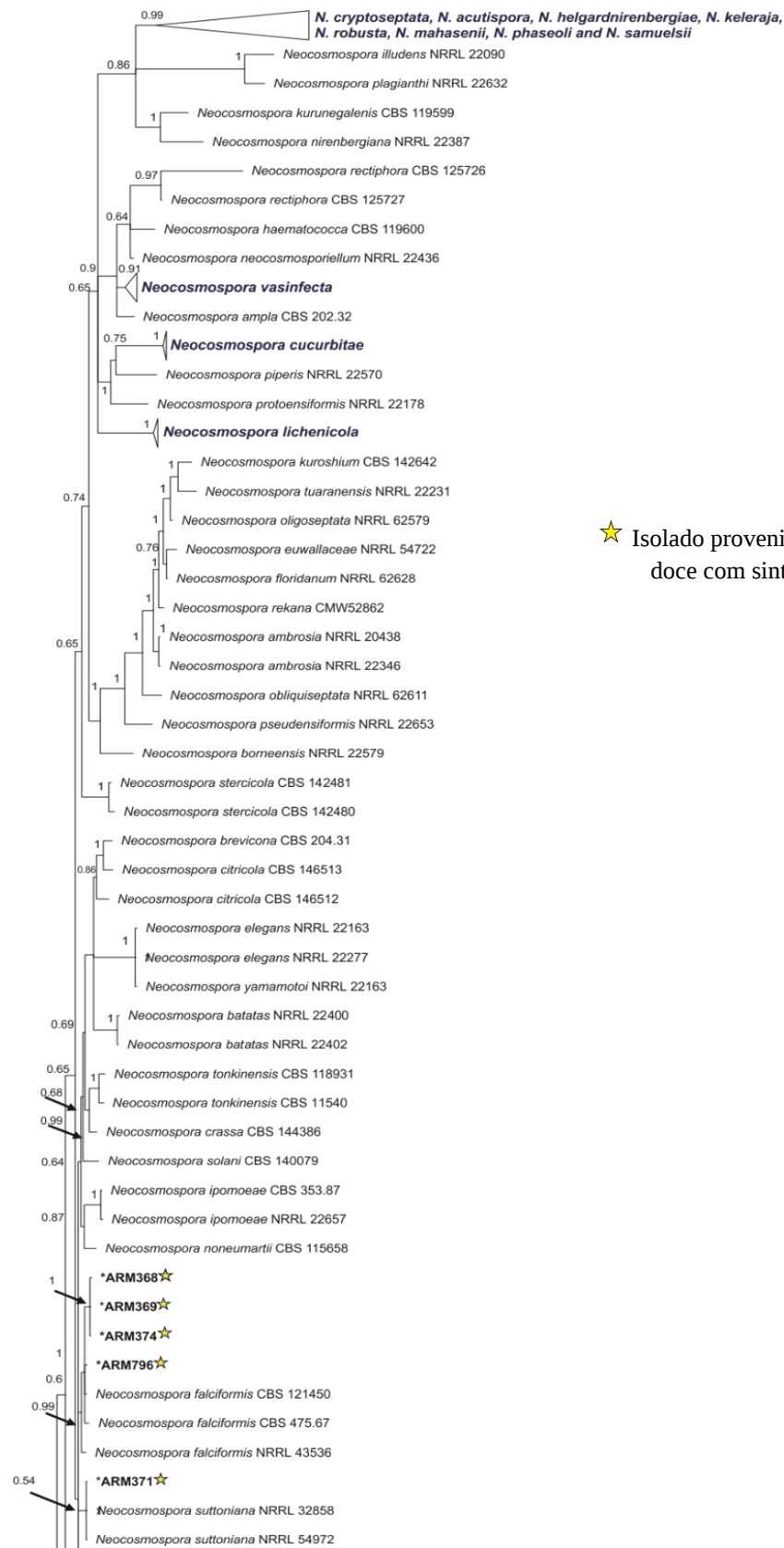


Figura 4 – Continuação.



★ Isolado proveniente de ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Figura 5 - Árvore filogenética inferida a partir de análise bayesiana baseada na combinação de sequências amplificadas de *TEF1* e *RPB2* do gênero *Neocosmospora*. As probabilidades são indicadas acima dos nós. A árvore foi enraizada com *Geejayessia celtidicola* CBS 125552. Os isolados obtidos neste estudo estão destacados em negrito e indicados com um asterisco.

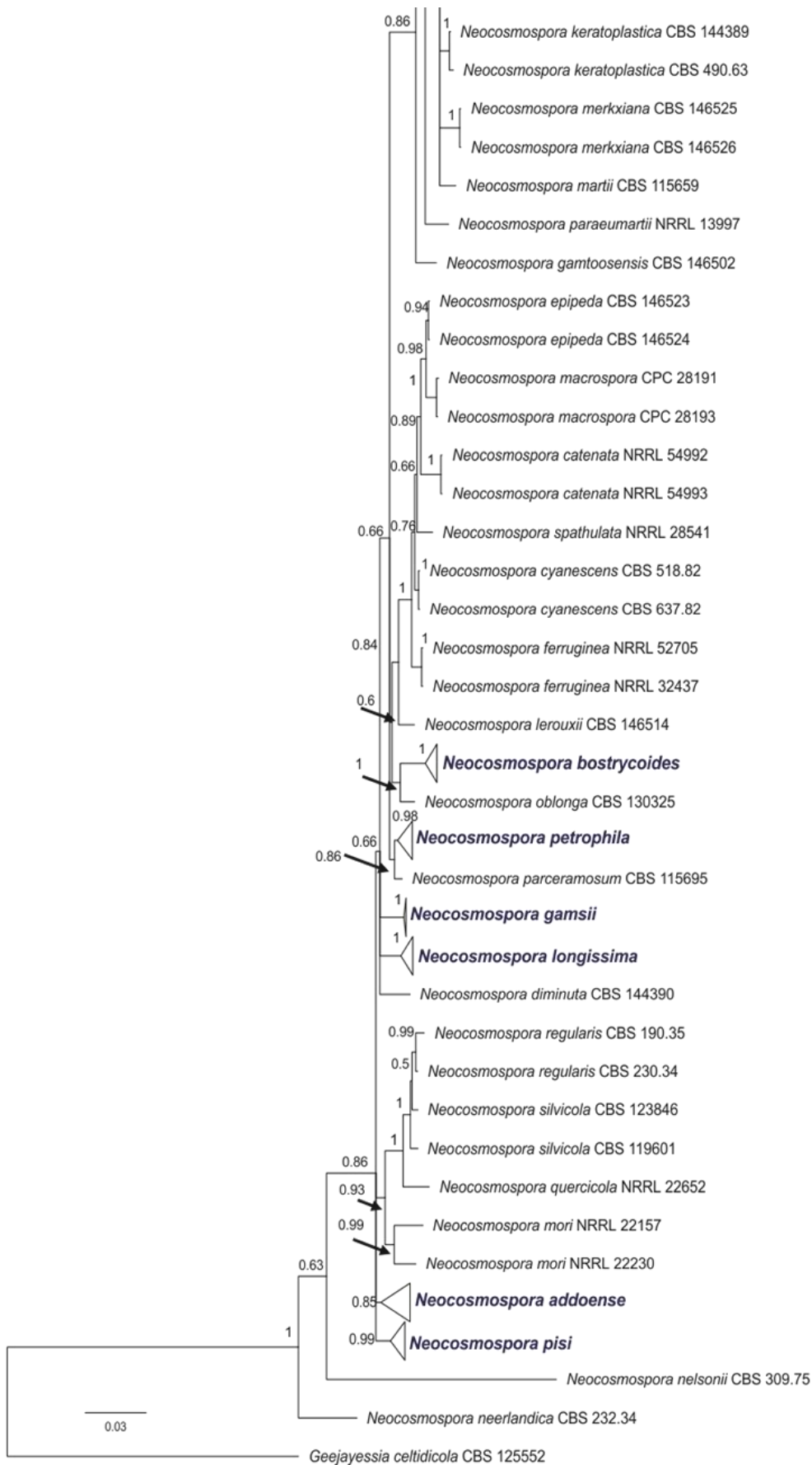


Figura 5 – Continuação.

Tabela 6: Distribuição dos táxons obtidos no presente estudo.

Espécie	Isolado	Material de isolamento	Local de coleta
<i>F. caatingaense</i>	ARM 320	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Goiana/Pernambuco
<i>F. caatingaense</i>	ARM 772/URM8548	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Brejão/Pernambuco
<i>F. pernambucanum</i>	ARM 379/URM8598	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Goiana/Pernambuco
<i>F. pernambucanum</i>	ARM 708/URM8602	<i>Ipomoea batatas</i> stem	Brejão/Pernambuco
<i>F. annulatum</i>	ARM 773/URM8549	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Brejão/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 313	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 314	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 315	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 323	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 343	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 383	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 384	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 387	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Aliança/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 406/URM8599	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 413	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 494	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Jaíba/Minas Gerais
<i>F. denticulatum</i>	ARM 513	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Jaíba/Minas Gerais
<i>F. denticulatum</i>	ARM 514	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Jaíba/Minas Gerais
<i>F. denticulatum</i>	ARM 629/URM8600	<i>Ipomoea batatas</i> stem	Vitória/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 630	<i>Ipomoea batatas</i> stem	Natuba/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 711	<i>Ipomoea batatas</i> stem	Brejão/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 786	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Lagoa do ouro/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 787	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 804	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 861	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Bom conselho/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 864	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Bom conselho/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 866	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Bom conselho/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 868	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Lagoa do ouro/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 869	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Lagoa do ouro/Pernambuco
<i>F. denticulatum</i>	ARM 955	<i>Ipomoea batatas</i> stem	Goiana/Pernambuco
<i>F. pseudocircinatum</i>	ARM 646/URM8601	<i>Ipomoea batatas</i> stem	João Alfredo/Pernambuco
<i>F. pseudocircinatum</i>	ARM 647	<i>Ipomoea batatas</i> stem	João Alfredo/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 392	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 395	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Goiana/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 791	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 792/URM8550	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 793	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco

<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 800	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 802	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 808/URM8552	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Bom conselho/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 809/URM8553	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Bom conselho/Pernambuco
<i>Fusarium agrestense</i>	ARM 814	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Bom conselho/Pernambuco
<i>F. elaeidis</i>	ARM 799/URM8551	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>Fusarium</i> sp.	ARM 304/URM8544	<i>Ipomoea batatas</i> root rot	Olinda/Pernambuco
<i>Fusarium</i> sp.	ARM 346/URM8597	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>Fusarium</i> sp.	ARM 367/URM8545	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Aliança/Pernambuco
<i>N. falciformis</i>	ARM 368	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Aliança/Pernambuco
<i>N. falciformis</i>	ARM 369	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Aliança/Pernambuco
<i>N. falciformis</i>	ARM 374/URM8547	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Camocim de São Félix/Pernambuco
<i>N. falciformis</i>	ARM 796	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Correntes/Pernambuco
<i>N. suttoniana</i>	ARM 371/URM8546	<i>Ipomoea batatas</i> stem rot	Aliança/Pernambuco

Os isolados destacados em negrito foram selecionados como isolados representativos no teste de patogenicidade de raízes e ramas.

5.3 IDENTIFICAÇÃO MORFOLÓGICA

A identificação dos fungos pertencentes ao gênero *Fusarium* e *Neocosmospora* foi baseada no estudo da morfologia das estruturas vegetativas e reprodutivas. Foram selecionados para a realização da caracterização morfológica isolados representativos de cada espécie identificadas nas análises filogenéticas. Do total dos 51 isolados, nenhum deles apresentou formação de estruturas reprodutivas do seu estágio sexual. Os isolados foram repicados para placas contendo meio BDA para a observação das características macromorfológicas das culturas como coloração e textura da colônia, tipo de micélio e taxa de crescimento e em meio de cultura SNA a fim de induzir a formação das estruturas reprodutivas (macroconídios, microconídios, esporodóquios, clamidósporos etc.). De modo geral as espécies *F. elaeidis*, *Neocosmospora falciformis*, *F. annulatum*, *F. denticulatum*, *Neocosmospora suttoniana*, *F. caatingaense*, *F. pernambucanum* e *Fusarium pseudocircinatum* apresentaram conídios produzidos em micélio aéreo apresentando de 0 a 5 septos em sua maioria quando foram submetidos ao processo de indução de esporulação com a utilização de meio de cultura SNA. Os isolados pertencentes ao gênero *Geotrichum* tiveram sua identificação morfológica realizada com incubação em meio de cultura BDA a 25°C por sete dias no escuro.

5.3.1 Descrição das espécies

- *Fusarium annulatum* Bugnic

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar conidióforos originando-se lateralmente de hifas aéreas, densamente ramificados. Macroconídios de micélio aéreo abundantes, falcados ou quase retos, com uma célula-pé distinta, geralmente apresentando 3 ou 5 septados, 32.5-57.5 - 2.5-5 μm . Microconídios de apresentando de 0 a 1 septo clavados com base truncada medindo 7.5-10 x 2.5-3.75 μm produzidos em micélio aéreo. Clamidósporos não eram evidentes.

Características da cultura: Colônias em meio de cultura BDA com crescimento rápido, micélio aéreo branco abundante mudando para a coloração roxa após 7 dias de crescimento.

Material analisado: ARM 773.

Habitat: Ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas com sintomas de podridão em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Brejão no dia 28 de outubro de 2019. Essa espécie foi isolada apenas uma vez no presente estudo.

Nota: Em sua descrição original no trabalho de Nirenberg (1976), os conídios que apresentavam de 3 a 5 septos mediam 27-58 x 2.6-5.0 μm e os conídios de 0 a 1 septo mediam 7-9 x 2,2-3,2 μm . No entanto, foram observados, no presente estudo, conídios de 3 a 5 septos bem semelhantes do que relatado para o material tipo medindo 32.5-57.5 - 2.5-5 μm e conídios de 0 a 1 septo medindo 7.5-10 x 2.5-3.75 μm .

- *Fusarium denticulatum* Nirenberg & O'Donnell

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar os conidióforos no micélio aéreo eram prostrados, curtos e às vezes ramificados. Macroconídios de micélio aéreo contendo de 3 a 5 septos fusiformes a falcados com uma célula apical em bico e uma célula basal semelhante a um pé e medindo 25-47.5 x 2,5-3.75 μm . Microconídios de 0 a 1 septo abundantes, longos a ovais medindo 7.5-10 x 2.5-3.75 μm produzidos em micélio aéreo. Clamidósporos não eram evidentes.

Características da cultura: Colônias em meio de cultura BDA apresentando micélio aéreo branco e de crescimento lento migrando para uma coloração rosada após 7 dias de crescimento.

Material analisado: ARM 629.

Habitat: Ramas de batata-doce sadias.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas sadias em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Vitória de Santo Antão no dia 02 de maio de 2019. Esse táxon foi o mais isolado no presente estudo com um total de 25 espécimes coletadas entre isolados endofíticos e fitopatogênicos.

Nota: De acordo com o trabalho de Nirenberg e O'Donnell (1988) os conídios de 3 a 5 septos descritos mediam $37.5-47.6 \times 3.6-3.9 \mu\text{m}$ e os conídios de 0 a 1 septo mediam $6.9-10.1 \times 2.6-3.4 \mu\text{m}$. No entanto presente estudo foram observados conídios de 3 a 5 septos produzidos em micélio aéreo bem semelhantes ao material tipo medindo $32.5-47.5 \times 2.5-3.75 \mu\text{m}$ e conídios de 0 a 1 septo medindo $7.5-10 \times 2.5-3.75 \mu\text{m}$.

- *Fusarium pseudocircinatum* O'Donnell & Nirenberg

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar a presença de macroconídios produzidos em micélio retos a falcados, com ápices levemente pontiagudos e bases em forma de pé, 3 a 5 septados, hialinos medindo $20-37.5 \times 2.5-3.75 \mu\text{m}$. Os microconídios eram ovais a obovóides ou reniformes, 0 a 1 septados, hialinos medindo $7.5-10 \times 2.5-3.75 \mu\text{m}$ produzidos em micélio aéreo. Clamidósporos não eram evidentes.

Características da cultura: Colônias em meio de cultura BDA apresentando micélio aéreo branco e de crescimento lento migrando para uma coloração rosada a arroxeadada após 7 dias de crescimento.

Material analisado: ARM 646.

Habitat: Ramas de batata-doce sadias.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas sadias em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de João Alfredo no dia 12 de setembro de 2019.

Nota: De acordo com o trabalho de Nirenberg e O'Donnell (1988) os conídios de 3 a 5 septos descritos mediam $25.6-46.9 \times 2.3-3.4 \mu\text{m}$ e os conídios de 0 a 1 septo mediam $3.5-21.7 \times 1.2-3.5 \mu\text{m}$. No entanto presente estudo foram observados conídios de 3 a 5 septos produzidos em micélio aéreo medindo $20-37.5 \times 2.5-3.75 \mu\text{m}$ e conídios de 0 a 1 septo medindo $7.5-10 \times 2.5-3.75 \mu\text{m}$. Ambos apresentando conídios menores, contudo ainda dentro do intervalo de medidas. A variação na morfologia pode ser explicada em decorrência da influência de fatores externos no ambiente onde o organismo se desenvolveu.

***Fusarium caatingaense* A.C.S. Santos, C.S. Lima, P.V. Tiago & N.T. Oliveira**

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar conidióforos aéreos formados abundantemente simples. Presença de macroconídios de micélio aéreo apresentando de 3 a 6 septos de diferentes tipos a maioria com formato falcado com célula apical em gancho e células basais papiladas ou dentadas em forma de pé medindo $15-40 \times 2.5-5 \mu\text{m}$ formados a partir do micélio aéreo. Microconídios de micélio aéreo apresentando de 0 a 1 septo medindo $8.5-12.5 \times 2.5-4 \mu\text{m}$. Clamidósporos não eram evidentes.

Características da cultura: Colônias em meio de cultura BDA apresentando micélio abundante e crescimento rápido, micélio inicialmente branco e após 7 dias de crescimento apresentando uma coloração amarelada.

Material analisado: ARM 772.

Habitat: Ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas com sintomas de podridão em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Brejão no dia 28 de outubro de 2019. Essa espécie foi isolada apenas uma vez no presente estudo.

Nota: De acordo com o trabalho de Santos et al., (2019) os conídios de micélio aéreo descritos de 3 a 6 septos mediam $20-45 \times 3.5-6.0 \mu\text{m}$ e conídios de 0 a 1 septo medindo $6-12.5 \times 2.5-4 \mu\text{m}$. No entanto, foram observados, no presente estudo, conídios aéreos menores de a 6 septos $15-40 \times 2.5-5 \mu\text{m}$ e maiores de 0 a 1 septo $8.5-12.5 \times 2.5-4 \mu\text{m}$ do que relatado para o material tipo, mas ainda dentro do intervalo de medidas. A variação na morfologia pode ser explicada em decorrência da influência de fatores externos no ambiente onde o organismo se desenvolveu. Outro fator importante é que no presente estudo não foi observado conídios esporodoquiais nem clamidósporos em meio de cultura SNA assim como descrito no material tipo, onde outros aspectos morfológicos relevantes como: os conídios esporodoquiais e os clamidósporos só foram observados em meio de cultura CLA.

***Fusarium pernambucanum* A.C.S. Santos, C.S. Lima, P.V. Tiago & N.T. Oliveira**

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar conidióforos aéreos simples reduzidos a células conidiogênicas. Macroconídios de micélio aéreo de 3 a 6 septos apresentando célula apical romba ou cônica e papilar e célula basal em forma de pé medindo $32.7-42.5 \times$

2.5 - 3.75 μm . Microconídios apresentando de 1 a 2 septos fusóide arredondado ou ápices pontiagudos abundantes medindo 12.5-17.5 x 2.5-3.75 μm . Ausência de clamidósporos.

Características da Cultura: Colônias em meio de cultura BDA apresentando micélio abundante e crescimento rápido, micélio com coloração inicial branco e após 7 dias de crescimento apresentou uma coloração amarelo-claro a avelã.

Material analisado: ARM 379.

Habitat: Ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas com sintomas de podridão em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Aliança no dia 06 de julho de 2017. Essa espécie só foi isolada apenas uma vez no presente estudo.

Nota: De acordo com o trabalho de Santos et al., (2019) os conídios de micélio aéreo descritos de 3 a 6 septos mediam 21-57 x 2.5-5.0 μm e conídios de 1 a 2 septos medindo 12,5-16,5 $\times$ 2,5–3,5 μm . No entanto, foram observados, no presente estudo, conídios aéreos de 3 a 6 septos menores (32.7-42.5 x 2.5 - 3.75 μm) do que relatado para o material tipo, mas ainda dentro do intervalo de medidas e conídios de 1 a 2 septos bem semelhantes medindo 12.5-17.5 x 2.5-3.75 μm . A variação na morfologia pode ser explicada em decorrência da influência de fatores externos no ambiente onde o organismo se desenvolveu. Outro fator importante é que no presente estudo não foi observado conídios esporodoquiais nem clamidósporos em meio de cultura SNA assim como descrito no material tipo, onde outros aspectos morfológicos relevantes como: os conídios esporodoquiais e os clamidósporos só foram observados em meio de cultura CLA.

- *Fusarium elaeidis* L. Lombard & Crous

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar a presença de conídios formando pequenas cabeças falsas nas pontas das fiálides. Presença de macroconídios produzidos em micélio aéreo hialinos, elipsoidais a falcados, de paredes lisas e finas com presença de 0 a 1 septo medindo 5–13 x 2–3.5 μm . Clamidósporos não eram evidentes.

Características da cultura: Colônias em meio de cultura BDA apresentando um micélio aéreo inicialmente esbranquiçado e se mantendo após 7 dias de crescimento.

Material analisado: ARM 799.

Habitat: Ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas com sintomas de podridão em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Correntes no dia 28 de outubro de 2019.

Nota: Em sua descrição original os conídios apresentando de 0 a 1 septo descritos mediam 6–15 x 2–4 µm. No entanto, foram observados, no presente estudo, conídios menores do que relatado para o material tipo 5–13 x 2–3.5 µm, mas ainda dentro do intervalo de medidas. A variação na morfologia pode ser explicada em decorrência da influência de fatores externos no ambiente onde o organismo se desenvolveu.

- *Neocosmopora suttoniana* Sand.-Den. & Crous

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar conidióforos no micélio aéreo ereto comumente solitário e simples. Macroconídios de micélio aéreo apresentando de 3 a 6 septos mais largos na porção central afinando suavemente em direção à parte basal apresentando célula apical de tamanho mais ou menos igual ou menor do que a célula adjacente alongada ou nitidamente em forma de gancho medindo 30-55 x 5 – 7.5 µm. Microconídios apresentando de 0 a 2 septos hialinos, obovóides e elipsoidais medindo 10- 15 x 3.75 – 5 µm. Ambos formados a partir do micélio aéreo. Clamidósporos não foram evidentes.

Características da Cultura: Colônias em meio de cultura BDA apresentando micélio com crescimento rápido de coloração branco inicialmente e após sete 7 dias migrando para uma coloração amarelo-claro.

Material analisado: ARM 371

Habitat: Ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas com sintomas de podridão em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Aliança no dia 06 de julho de 2017. Essa espécie só foi isolada apenas uma vez no presente estudo.

Nota: De acordo com o trabalho de Sandoval & Crous (2018) os conídios de micélio aéreo descritos de 3 a 6 septos mediam 52-71 x 7–8 µm e conídios de 0 a 2 septos medindo 7.5–21 × 3–5.5 µm. No entanto, foram observados, no presente estudo, conídios aéreos de 3 a 6 septos medindo 30-55 x 5 – 7.5 µm e conídios de 0 a 2 septos medindo 10- 15 x 3.75 – 5 µm ambos menores do os relatados para o material tipo. A variação na morfologia pode ser explicada em decorrência da influência de fatores externos no ambiente onde o organismo se desenvolveu. Outro fator importante é que no presente estudo não foi observado conídios esporodoquiais nem clamidósporos em meio de cultura SNA assim como descrito no material tipo, onde outros aspectos morfológicos relevantes como: os conídios esporodoquiais e os clamidósporos só foram observados em meio de cultura CLA.

- *Neocosmospora falciformis* (Carrión) L. Lombard & Crous

Morfologia sexuada: Não observada.

Morfologia assexuada: Na microscopia em meio de cultura SNA foi possível observar macroconídios de micélio aéreo falciformes, hialinos, com ápices ligeiramente curvos contendo de 3 a 5 septos, com células basais pediceladas e células apicais rombas medindo $25-37.5 \times 2.5-6,25 \mu\text{m}$. Os microconídios com 0 a 1 septo eram hialinos com presença de uma a duas células eram ovais ou reniformes medindo $10-15 \times 2,5-5 \mu\text{m}$ ambos produzidos em micélio aéreo. Clamidósporos não eram evidentes.

Características da cultura: Colônias em meio de cultura BDA com crescimento rápido e micélio aéreo branco abundante.

Material analisado: ARM 374.

Habitat: Ramas de batata-doce com sintomas de podridão.

Descrição do material coletado: O material foi coletado de ramas com sintomas de podridão em uma área de cultivo de batata-doce localizada no município de Camocim de São Félix no dia 06 de julho de 2017. A mesma espécie também foi coletada de ramas com sintomas de podridão em outras áreas de cultivo no Estado de Pernambuco. As ramas apresentavam necrose do tecido vascular e murcha.

Nota: De acordo com o trabalho de Chehri et al (2015) os conídios com 3 a 5 septos mediam $31-44 \times 4.6 - 5.2 \mu\text{m}$ enquanto que os conídios encontrados no presente estudo ($25-37.5 \times 2.5-6,25 \mu\text{m}$) encontram-se dentro do intervalo de medidas para a espécie com a presença de uma pequena variação bem como os conídios que apresentam de 0 a 1 septo que mediam $6 - 15 \times 3.7-4.8 \mu\text{m}$ no trabalho de Chehri et al (2015) e $10-15 \times 2,5-5 \mu\text{m}$ no presente estudo. A variação na morfologia pode ser explicada em decorrência da influência de fatores externos no ambiente onde o organismo se desenvolveu.

5.4 TAXONOMIA

Fusarium agrestense, J.F. de Mello, A.C.S. Santos & A.R. Machado, sp. nov. FIG. 6. (Isolado ARM 792).

Tipificação: BRASIL. Pernambuco: Correntes, isolado de *Ipomoea batatas*, out 2019, J.F. de Mello (holótipo URM8550). Cultura Ex-type (ARM 808) URM8552. GenBank: *TEF1* = ON981003; *RPB1*= ON981034; *RPB2*= ON981061; *CAM*= ON981086.

Diagnóstico: Conídios aéreos às vezes formando cabeças falsas nas fiálides. Conídios aéreos elipsoidais a falcados 0–3 (–6) septados, mais largos na porção média, às vezes ligeiramente mais largos para cima, retos ou curvos, rombos, às vezes pontiagudos, célula apical e basal obtuso a pouco desenvolvido em

forma de pé. Esporodóquio róseo alaranjado pálido, raramente formado na superfície das folhas de cravo. Conídios esporodoquiais delgados sem curvatura significativa a falcada com linhas dorsais e ventrais geralmente quase paralelas, e às vezes gradualmente e ligeiramente mais largas para cima, afiadas e pontiagudas, às vezes curvadas, células apicais e papiladas, não em forma de pé, a basal em forma de pé pouco desenvolvida célula, 1-7 septadas.

Etimologia: Referente à região Agreste de Pernambuco onde os isolados foram coletados.

Colônias em BDA com crescimento micelial radial, 8,2–12,8 mm por dia a 25 C e 11,3–13,4 mm por dia a 30 C no escuro. Colônia circular a irregular, com margem filiforme. Superfície da colônia branca a cinza vináceo pálido ou cinza vináceo, algodonosa a flocosa com micélio aéreo moderado esparsos. Branco reverso a cinza vináceo pálido ou cinza vináceo.

Em SNA: Conidióforos aéreos simples, ou raramente ramificados, 5–175 μm de altura, terminando em uma única fiálide ou reduzidos a fiálides laterais. Fiálides mono e polifialídicos, subcilíndricos a ampuliformes, 5–20 $\times$ 2,5–5 μm ($= 9,83 \pm 4,87 \times 3,86 \pm 0,87 \mu\text{m}$), espessamento periclinal discernível e um colarete às vezes visível. Conídios aéreos às vezes formando cabeças falsas em fiálides. Conídios aéreos elipsoidais a falcados, mais largos na porção média, às vezes ligeiramente mais largos para cima, retos ou curvos, rombudos, às vezes pontiagudos, célula apical e célula basal obtusa a pouco desenvolvida em forma de pé, 0-3(-6)-septadas: 0-septado: 6–13,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 9,8 \pm 1,9 \times 3,6 \pm 0,4 \mu\text{m}$), 1-septado: 10–17,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 13,2 \pm 2,7 \times 3,5 \pm 0,3 \mu\text{m}$), 2-septado: 20–27,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 21,5 \pm 2,4 \times 3,7 \pm 0,5 \mu\text{m}$), 3-septados: 28,5–37,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 33,1 \pm 2,5 \times 4,6 \pm 0,7 \mu\text{m}$), 4-septados: 40–47,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 43,6 \pm 2,9 \times 4,7 \pm 0,5 \mu\text{m}$), 5-septados: 50–57,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 54,5 \pm 2,7 \times 4,8 \pm 0,5 \mu\text{m}$), 6-septados: 57,5–58,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 57,9 \pm 0,5 \times 4,8 \pm 0,5 \mu\text{m}$).

Em CLA: Esporodóquio rosado alaranjado pálido, raramente formado na superfície das folhas do cravo. Conidióforos em esporodóquios simples geralmente reduzidos a células conidiogênicas, 5–18,5 μm de altura, com monofiálides ampuliformes, 5–12,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 10 \pm 3,0 \times 4,0 \pm 0,6 \mu\text{m}$). Conídios esporodoquiais delgados sem curvatura significativa a falcada com linhas dorsais e ventrais geralmente quase paralelas, e às vezes gradualmente e ligeiramente mais largas para cima, afiladas e pontiagudas, às vezes curvadas, células apicais e papiladas, não em forma de pé, a basal em forma de pé pouco desenvolvida célula, (1–)2–4(–5)(–6)(–7) 1-septado: (17,5) 20–32,5 (–37,5) $\times$ 2,5–3,5 μm ($= 28,2 \pm 7,1 \times 3,3 \pm 0,3 \mu\text{m}$); 2-septados: (25–) 26–42,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 35,8 \pm 6,1 \times 3,6 \pm 0,4 \mu\text{m}$); 3-septados: (25–) 32,5–47,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 40,4 \pm 5,0 \times 3,8 \pm 0,6 \mu\text{m}$); 4-septados: (35–) 40–47,5 $\times$ 2,5–5 μm ($= 42,3 \pm 3,0 \times 4,1 \pm 0,8 \mu\text{m}$); 5-septados: (41,5–) 45–67,5 $\times$ 3,5–5 μm ($= 53,5 \pm 8,7 \times 4,5 \pm 0,5 \mu\text{m}$); 6-septados: (55–) 62,5–65 $\times$ 4–5 μm ($= 61,2 \pm 4,3 \times 4,7 \pm 0,5 \mu\text{m}$); 7-septados: 70–72,5 $\times$ 4–5 μm ($= 71,2 \pm 1,7 \times 4,5 \pm 0,7 \mu\text{m}$).

Clamidósporos produzidos mais abundantemente no CLA do que no SNA, terminais ou intercalares, principalmente simples, ou em cadeias, globosos a subglobosos, de paredes lisas ou levemente rugosas, $5\text{--}10 \times 5\text{--}7,5 \mu\text{m}$ ($= 7,1 \pm 1,9 \times 6,7 \pm 1,3 \mu\text{m}$) diâmetro.

Outros espécimes examinados: BRASIL. Pernambuco: Recife, isolado de *Ipomoea batatas*, maio de 2017, J.F. de Mello: Brejão, (ARM 808) URM8552, Brejão, cultura (ARM 809) URM8553.

Notas: *Fusarium agrestense* formou um subclado altamente suportado no Clado III, intimamente relacionado com *F. callistephi* e *F. elaeidis*. *F. agrestense* (conídios 0–3(–6)-septados) pode ser distinguida de *F. callistephi* (conídios 3–4(–5)-septados; Lombard et al. 2019) e *F. elaeidis* ((1–)3– 5-septados; Lombard et al. 2019) com base na septação de seus macroconídios produzidos em micélio aéreo. *F. agrestense* e *F. elaeidis* prontamente formaram células conidiogênicas polifialídicas no micélio aéreo, não observadas em *F. callistephi*. Em relação a formação de esporodóquios, *F. callistephi* e *F. elaeidis* formaram no CLA abundantes esporodóquios se formando nas folhas do cravo. Enquanto *F. agrestense* formou em CLA esporodóquios se formando raramente na superfície das folhas de cravo.

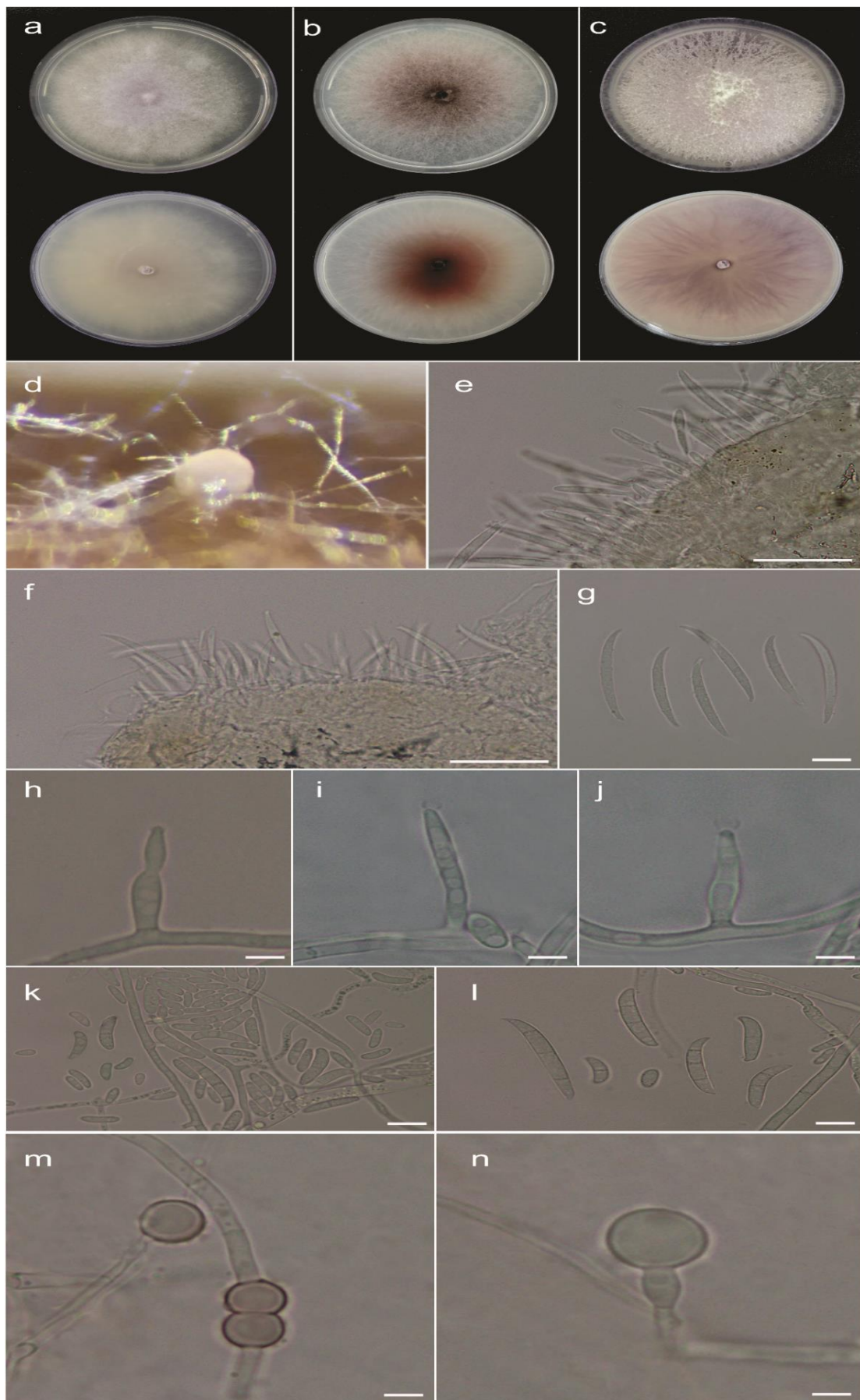


Figura 6: *Fusarium agrestense* (ex-tipo de cultura ARM 792 ON981006). **a-c.** Colônia em BDA; **a.** superfície e reverso da colônia em BDA após 7 d a 25°C sob luz branca contínua da colônia em BDA isolado 792; **b.** superfície e reverso da colônia

em BDA após 7 d a 25°C sob luz branca contínua da colônia em BDA isolado 808; **c.** superfície e reverso da colônia em BDA após 7 d a 25°C sob luz branca contínua da colônia em BDA isolado 809; **d.** esporodóquios em folhas de cravo conidióforos na superfície da folha de cravo; **e–f** Esporodóquio e conidióforos esporodoquiaais; **g.** conidióforos esporodoquiaais; **h–j** fiálides em CLA; **k–l** conidióforos em micélio aéreo; **m–n** clamidósporos em CLA Barras de escala: e–f = 50 µm; g–n = 10 µm.

5.5 TESTE DE PATOGENICIDADE

5.5.1 Inoculação em raízes e ramas

Para os testes de patogenicidade em raízes e ramas, isolados representativos foram selecionados e testados de acordo com a distribuição das espécies em cada complexo. Dentro da FIESC, os isolados ARM 379 e ARM 708 pertencentes à espécie *F. pernambucanum* de ramas de batata-doce com sintomas de podridão e sadios respectivamente, e o isolado ARM 772 pertencente à espécie *F. caatingaense* de ramas de batata-doce com sintomas de podridão. Dentro do FFSC, os isolados ARM 406 e ARM 629 pertencentes à espécie *F. denticulatum* de ramas sadias de batata-doce e caules com sintomas de podridão respectivamente, o isolado ARM 646 pertencente à espécie *F. pseudocircinatum* de ramas sadias e o isolado ARM 773 pertencente à espécie *F. annulatum* de ramas com sintomas de podridão. Dentro do FOSC, os isolados ARM 304, ARM 346 e ARM 367 representados por *Fusarium* sp¹, *Fusarium* sp² e *Fusarium* sp³, ARM 799 pertencentes à espécie *F. elaeidis* e ARM 792 pertencentes à espécie *F. agrestense* de ramas com sintomas de podridão foram testados. E, finalmente, dentro do gênero *Neocosmospora*, foram testados os isolados ARM 371 pertencente à espécie *N. suttoniana* e ARM 374 pertencente à espécie *N. falciformis*, ambos provenientes de ramas com sintomas de podridão.

Em raízes, entre os 14 isolados representativos dos gêneros *Fusarium* e *Neocosmospora* isolados como isolados de tecidos com sintomas e isolados de tecidos saudáveis utilizados no teste de patogenicidade em raízes, 13 tiveram sua patogenicidade confirmada e conseguiram reproduzir os sintomas observados no campo. Após 20 dias de incubação, as raízes apresentaram sintomas característicos de podridão com aparecimento de lesões necróticas de coloração marrom no interior das raízes em tecido vascular de aspecto seco, similarmente causado por isolados obtidos de tecidos sadios e doentes. As cinco repetições utilizadas para o controle permaneceram saudáveis e não apresentaram lesões. Apenas o isolado ARM 367, identificado como *Fusarium* sp³, não foi capaz de reproduzir os sintomas de podridão.

Após 30 dias da inoculação, o experimento foi avaliado e as ramas inoculadas apresentaram em sua maioria murcha e amarelecimento das folhas. Os sintomas internos foram avaliados por meio de cortes longitudinais nas hastes e foi possível observar lesões necróticas no tecido vascular para todos os 14 tratamentos, com aspecto seco na região onde os grãos de arroz foram depositados, causado de forma semelhante por isolados obtidos de sadios e tecidos doentes. Nenhum sintoma foi observado no

tratamento controle. Portanto, de acordo com os resultados do teste de patogenicidade em ramas, todas as espécies/isolados foram patogênicos (Figura 7 e 8).

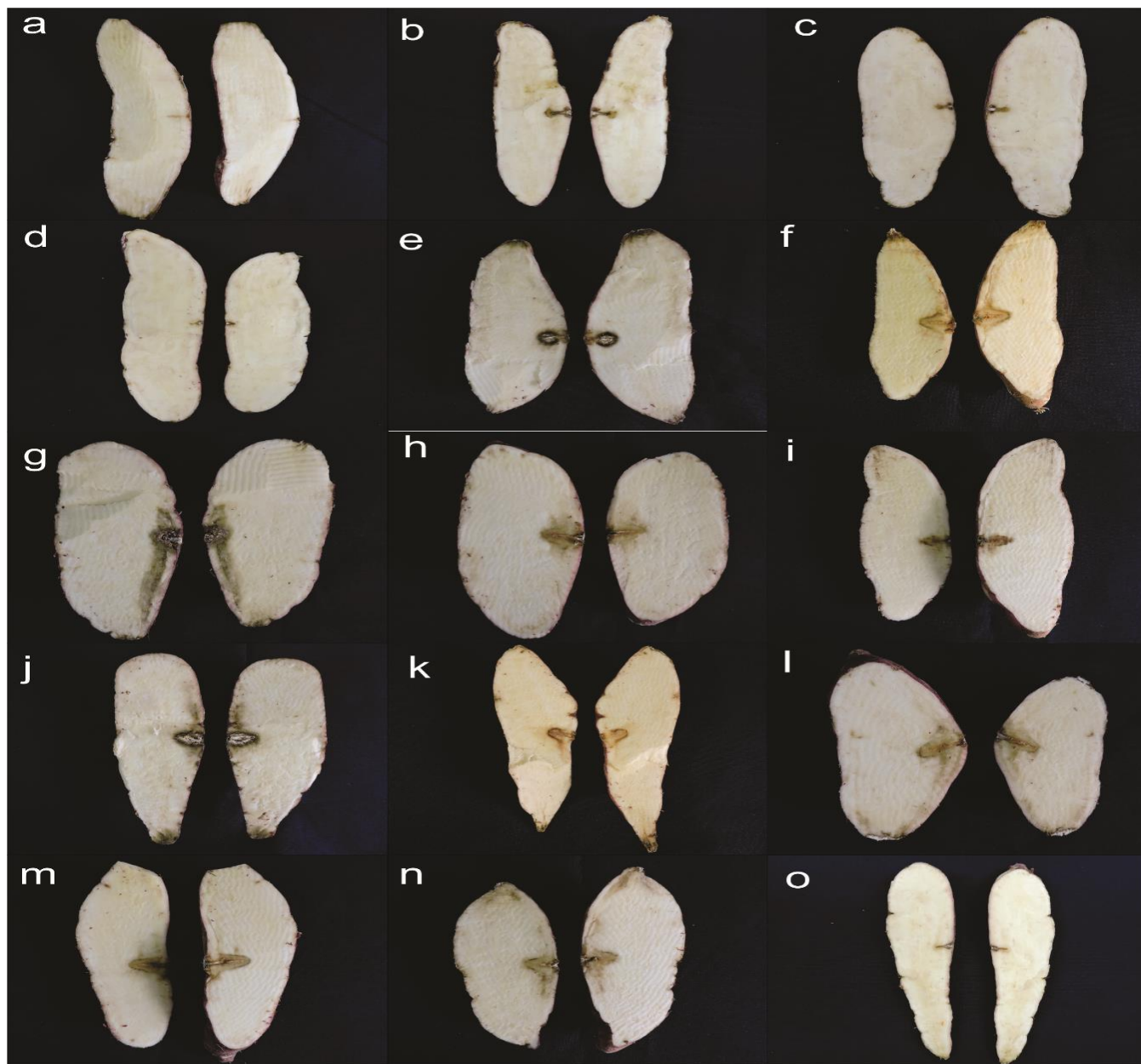


Figura 7- Teste de patogenicidade com isolados pertencentes as espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* isolados como endofíticos e fitopatogênicos provenientes de raízes tuberosas de batata-doce. **(a)** Raiz tuberosa com o controle negativo, sem apresentação de sintomas, **(b)** *Fusarium sp*¹ ARM 304, **(c)** *Fusarium sp*² ARM 346, **(d)** ausência de lesões necróticas causadas pela espécie *Fusarium sp*³ ARM 367, **(e)** *Neocosmospora suttoniana* ARM 371, **(f)** *Neocosmospora falciformis* ARM 374, **(g)** isolado fitopatogênico de *Fusarium pernambucanum* ARM 379, **(h)** isolado fitopatogênico de *Fusarium denticulatum* ARM 406, **(i)** isolado endofítico de *Fusarium denticulatum* ARM 629, **(j)** *Fusarium pseudocircinatum* ARM 646, **(k)** isolado endofítico de *Fusarium pernambucanum* ARM 708, **(l)** *Fusarium caatingaense* ARM 772, **(m)** *Fusarium annulatum* ARM 773 **(n)** *Fusarium agrestense* ARM 792 e **(o)** *Fusarium elaeidis* ARM 799.

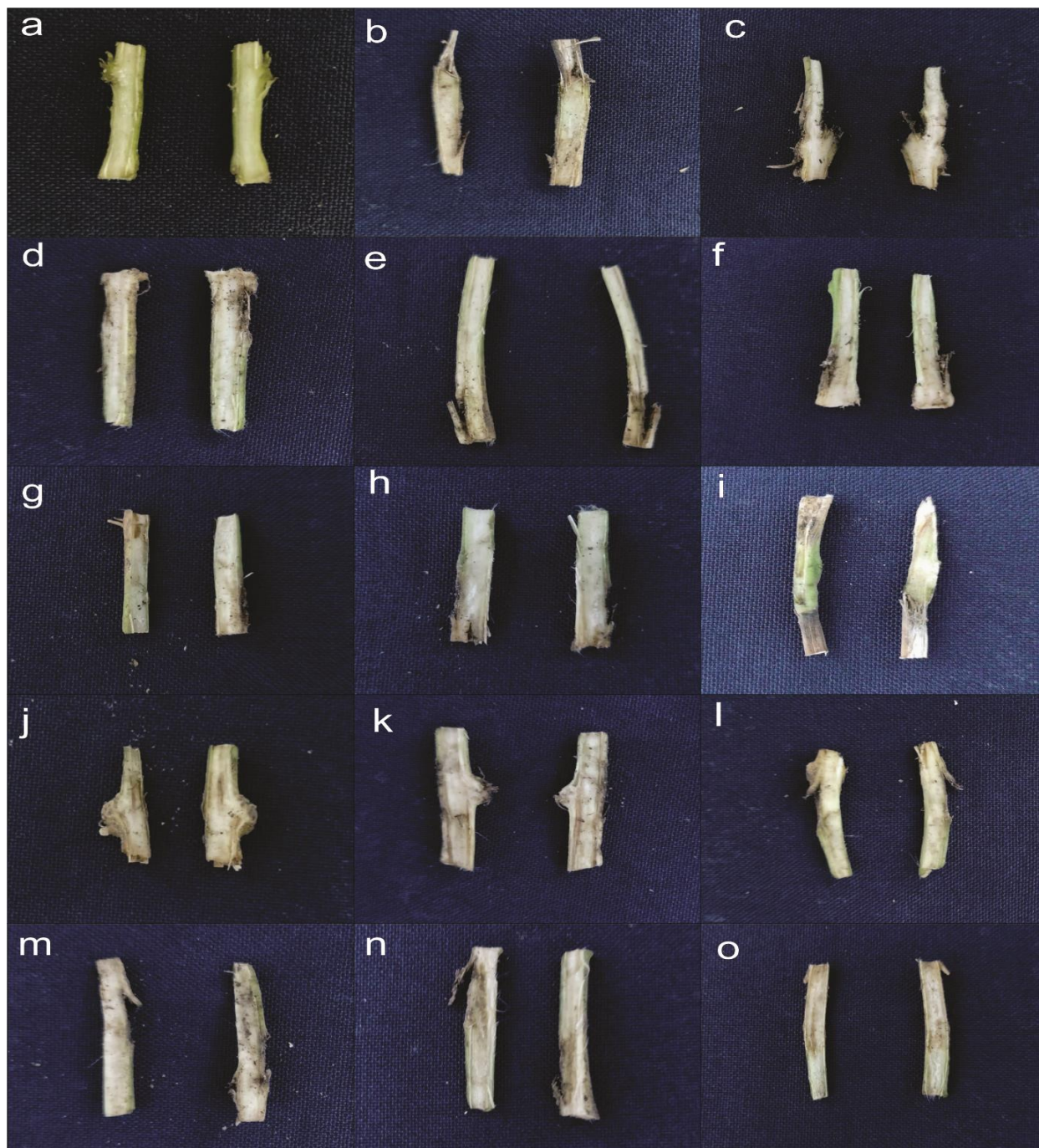


Figura 8- Teste de patogenicidade com isolados pertencentes às espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* isolados como endofíticos e fitopatogênicos provenientes de ramas de batata-doce. **(a)** Rama com o controle negativo, sem apresentação de sintomas, **(b)** *Fusarium* *sp*¹ ARM 304, **(c)** *Fusarium* *sp*² ARM 346, **(d)** ausência de lesões necróticas causadas pela espécie *Fusarium* *sp*³ ARM 367, **(e)** *Neocosmospora* *suttoniana* ARM 371, **(f)** *Neocosmospora* *falciformis* ARM 374, **(g)** isolado fitopatogênico de *Fusarium* *pernambucanum* ARM 379, **(h)** isolado fitopatogênico de *Fusarium* *denticulatum* ARM 406, **(i)** isolado endofítico de *Fusarium* *denticulatum* ARM 629, **(j)** *Fusarium* *pseudocircinatum* ARM 646, **(k)** isolado endofítico de *Fusarium* *pernambucanum* ARM 708, **(l)** *Fusarium* *caatingaense* ARM 772, **(m)** *Fusarium* *annulatum* ARM 773 **(n)** *Fusarium* *agrestense* ARM 792 e **(o)** *Fusarium* *elaeidis* ARM 799.

6 DISCUSSÃO

Este é o primeiro estudo que visa verificar a diversidade de espécies fusarióides associadas às raízes e ramas da batata-doce no Brasil. Neste estudo, foram identificadas 10 espécies distintas pertencentes a *Fusarium*, incluindo uma novidade taxonômica e duas espécies de *Neocosmospora*. As espécies de *Fusarium* identificadas estão distribuídas em três complexos de espécies: FIESC, FFSC e FO SC.

Ramas de batata-doce com sintomas de podridão causam sintomas graves em seus hospedeiros e podem evoluir para a morte das plantas. Especula-se que esses patógenos possam migrar para as raízes tuberosas causando apodrecimento ou contaminação, já que a mesma espécie pode ser patogênica em ambas as partes da planta. Além disso, representantes do gênero *Fusarium* tem a capacidade de permanecer em dormência por longos períodos por meio de clamidósporos e os métodos de controle das doenças que causam em diferentes culturas não são tão eficazes. Desse modo, as doenças causadas por esse gênero causam grandes perdas econômicas e são de grande importância fitopatológica (Burgues, 2014).

A colonização endofítica do tecido vegetal vivo por *Fusarium* e outros fungos é um fenômeno pouco compreendido, mas é extremamente importante para entender as relações hospedeiro-patógeno, bem como para implementar medidas de controle eficazes (Burgess, 2014).

No presente trabalho, isolados pertencentes às espécies *F. pernambucanum* e *F. denticulatum* obtidos de ramas saudáveis de batata-doce e de caules e raízes com sintomas de podridão tiveram sua patogenicidade testada e foram capazes de causar lesões necróticas quando inoculados em raízes saudáveis e ramas. Essa informação é relevante quando consideramos a presença desses fungos em material propagativo assintomático. Isso pode representar uma ameaça, pois o inóculo fúngico pode se disseminar para outras regiões, sabendo que fatores como o estresse do hospedeiro podem alterar a resistência das plantas, interrompendo a relação endofítica e levando ao desenvolvimento de sintomas da doença (Schulz & Boyle, 2005; Burgess, 2014).

Os sintomas de podridão na batata-doce estão frequentemente associados ao fungo *Plenodomus destruens* (*Diaporthe destruens*) (Pio-Ribeiro et al., 2016). No entanto, neste estudo, dez espécies de *Fusarium* e duas de *Neocosmospora* foram isoladas de amostras que apresentam sintomas semelhantes à podridão do pé, além dos gêneros *Colletotrichum*, *Diaporthe*, *Geotrichum*, *Rhizopus* e os gêneros *Lasioidiplodia*, *Neoscytalidium* e *Macrophomina* que também tem sido associada à podridão da raiz e do caule da batata-doce (Mello et al., 2021). Assim como no estudo de Mello et al. (2021), os resultados deste estudo indicam que é difícil distinguir os sintomas causados por esses fungos e identificá-los

apenas pelos sintomas de podridão que causam nas raízes e ramas. É necessário sempre que possível usar uma abordagem polifásica na identificação de patógenos.

Um método decisivo e bem estabelecido para a identificação de espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* é a análise filogenética de múltiplos marcadores, que tem proporcionado a revisão de complexos de espécies e a identificação de espécies crípticas (Lombard et al., 2019; Maryani et al. al., 2019; Crous et al., 2021).

F. pernambucanum e *F. caatingaense* pertencentes à FIESC e obtidas no presente estudo associadas à podridão de raízes e ramas de batata-doce foram descritas associadas a insetos-praga em Pernambuco com base em dados biológicos, morfológicos e estudos filogenéticos e têm sido indicadas como potenciais biocontroladores de insetos (Santos et al., 2019). A espécie *F. pernambucanum* também foi relatada como causadora da podridão do melão no Brasil (Lima et al. 2021) e murcha das folhas da ameixeira na China (Lu et al. 2022). A confirmação da patogenicidade dessas duas espécies em batata-doce contribuirá para o entendimento da diversidade de hospedeiros que afetam, incluindo culturas de grande importância econômica como a batata-doce, e não sendo específicas para insetos. Assim, estes resultados indicam a necessidade de mais estudos envolvendo genética, interações fungo-hospedeiro para esta espécie e segurança para aplicação no controle biológico de insetos.

FFSC consiste em mais de 50 anamorfos e 11 espécies biológicas sexualmente férteis, sendo responsável por causar doenças devastadoras de espécies agrícolas e hortícolas economicamente importantes (Bashyal et al., 2019). No presente estudo, isolados pertencentes às espécies *F. annulatum* e *F. denticulatum* foram associados à podridão radicular e podridão e das ramas da batata-doce, sendo que a espécie *F. pseudocircinatum* foi encontrada apenas em material assintomático.

O primeiro relato de *F. annulatum* causando podridão seca na produção comercial de batata (*Solanum tuberosum*) foi observado no estado de Michigan, nos Estados Unidos (Merlington et al., 2014). No Canadá, essa espécie foi relatada como agente etiológico da podridão radicular da soja (Chang et al., 2014). Tal como acontece com a maioria das espécies dentro do gênero *Fusarium*, a espécie *F. annulatum* está associada a uma grande variedade de hospedeiros. A espécie *F. denticulatum*, por sua vez, teve seu primeiro relato associado à batata-doce (*Ipomoea batatas*) causando lesões foliares cloróticas na Venezuela (Gonzalez et al., 2003) e no Brasil (Farr & Rossman, 2021).

Fusarium pseudocircinatum é uma espécie intimamente relacionada à malformação em vários hospedeiros. Foi relatado que causa malformação da manga (*Mangifera indica* L.) no México (Freeman et al., 2014) e na República Dominicana e em *Tabebuia rosea* (*Rosy Trumpet*) no México (Montoya-Martínez et al., 2021). No presente estudo, os isolados de *F. denticulatum* obtidos de amostras sintomáticas de ramas ARM 406 e amostras assintomáticas de ramas ARM 629 tiveram sua

patogenicidade confirmada. amostras sintomáticas e *F. pseudocircinatum* ARM 646 obtidas apenas de ramas saudáveis de batata-doce. O isolado testado foi capaz de causar lesões necróticas em raízes tuberosas e ramas, corroborando a hipótese de que tecidos vegetais colonizados endofiticamente podem oferecer riscos às culturas às quais estão associados.

F. oxysporum é a espécie economicamente mais importante no FOSC. É comumente encontrado em todo o mundo sendo a espécie registrada com mais frequência causando murcha em seus hospedeiros. Este fungo assexuado é encontrado no solo e é conhecido por se manifestar como cepas patogênicas e não patogênicas de plantas, animais e humanos (Leslie & Summerell, 2006).

Tal como acontece com outros complexos de espécies dentro do gênero, FOSC sofreu mudanças de vários sistemas de classificação taxonômica aplicados no passado. Dentre as espécies obtidas no presente estudo, a espécie *F. elaeidis* foi descrita e relatada inicialmente associada a plantas hospedeiras pertencentes ao gênero *Elaeis* em uma revisão do FOSC realizada por Lombard et al. (2019). Na China, foi relatado que *F. elaeidis* está associada à podridão da raiz e do caule de *Alocasia longiloba* (Zhang et al., 2021). Três isolados obtidos no FOSC não tiveram sua identificação estabelecida porque suas sequências não formaram clados com outros isolados conhecidos e não possuem suporte filogenético suficiente para representar uma novidade taxonômica e, portanto, foram representados por *Fusarium* sp¹, *Fusarium* sp² e *Fusarium* sp³.

F. agrestense representa uma novidade taxonômica dentro do FOSC associada à podridão de raízes e ramas da batata-doce no Brasil. Os isolados pertencentes às espécies *F. elaeidis*, *Fusarium* sp¹, *Fusarium* sp² e *F. agrestense* tiveram sua patogenicidade confirmada e foram associados à podridão radicular e das ramas, contribuindo para o conhecimento da diversidade de hospedeiros associados a essas espécies e sua distribuição geográfica. Apenas *Fusarium* sp³ dentro do complexo não teve sua patogenicidade confirmada em raiz, sendo patogênico apenas em ramas de batata-doce, o que não é fator decisivo para a exclusão da raiz de batata-doce como possível hospedeiro para a espécie, uma vez que o fungo em questão assim como outras espécies podem necessitar de outras condições ambientais e maior período de tempo para o desenvolvimento dos sintomas (da Silva & Clark et al., 2013).

Neocosmospora engloba um grupo de fungos ubíquos e amplamente distribuídos. Anteriormente, sua identificação era atribuída ao FSSC (O'Donnell et al, 2000). Os fungos pertencentes a este gênero são comumente encontrados no solo, restos vegetais, material vegetal vivo, ar e água e representam um dos mais importantes grupos de fungos fitopatogênicos. As espécies e variedades incluídas foram registradas em quase 500 plantas hospedeiras (Sandoval-Denis et al., 2019).

No presente estudo, as espécies *N. suttoniana* e *N. falciformis* foram isoladas de raízes e ramas de batata-doce com sintomas de podridão. A espécie *N. falciformis* é amplamente distribuída no mundo,

estando associada a diversas doenças em uma ampla gama de hospedeiros. Como exemplo de alguns hospedeiros, esta espécie já foi associada à podridão do caule do milho no México (Douriet-Ângulo et al., 2019) e do feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) em Cuba (Duarte et al., 2019), causando a podridão em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) no Brasil (Sousa et al., 2017) e relatado também associado a doenças dos citrus na África do Sul (Guarnaccia et al., 2021). *N. falciformis* e *N. suttoniana* foram relatados como causadores da podridão da raiz do meloeiro no Nordeste do Brasil (Silva et al., 2020). Enquanto *N. solani* foi associada à podridão da raiz da batata-doce na Coreia do Sul (Yang et al., 2018), China e Estados Unidos (Farr & Rossman, 2021). No entanto, neste estudo não verificamos a ocorrência desta espécie. Os isolados pertencentes às espécies *N. suttoniana* e *N. falciformis* tiveram sua patogenicidade confirmada e foram associados à podridão radicular e das ramas, contribuindo para o conhecimento da diversidade de hospedeiros e distribuição desses patógenos.

A incidência da podridão radicular e das ramas causada por espécies fusarióides depende de alguns fatores que irão determinar o grau de severidade da doença, a saber: quantidade de inóculo do patógeno no solo, condições ambientais que favoreçam seu desenvolvimento e ocorrência de ferimentos ou lesões mecânicas das raízes de batata-doce durante as etapas de colheita e armazenamento (da Silva & Clark et al., 2013). No entanto, de acordo com da Silva e Clark et al. (2013) mesmo que o ambiente seja favorável, são necessárias várias semanas a meses para que a doença progrida e penetre nos tecidos radiculares para o aparecimento dos sintomas. Isso foi evidenciado no resultado do teste de patogenicidade em ramas, dada a patogenicidade dos espécimes testados em um período fixo de tempo onde foi observada a presença de lesões necróticas, porém não tão extensas como as observadas em campo. Esse resultado sugere que provavelmente os patógenos precisassem de um tempo maior em contato com o hospedeiro para o aparecimento de lesões mais extensas capazes de causar a morte das plantas.

Este trabalho corresponde ao primeiro relato das espécies *F. pernambucanum*, *F. caatingaense*, *F. annulatum*, *F. pseudocircinatum*, *Fusarium elaeidis*, *N. suttoniana*, *N. falciformis* e *F. agrestense* associadas à podridão da raiz e caule da batata-doce no Brasil.

O conhecimento da associação desses patógenos com a cultura da batata-doce é de suma importância para o entendimento de sua disseminação e distribuição geográfica, ecologia, formas de sobrevivência no hospedeiro. Esses resultados certamente servirão de base para estudos futuros visando a implementação de medidas efetivas de controle dessas doenças no Brasil e no mundo.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pela Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (FACEPE - APQ-1090-5.01/21) e faz parte dos resultados do projeto de pesquisa de

doutorado da primeira autora. Juliana F. de Mello agradece ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa. Alexandre R. Machado e Cristina M. Souza-Motta também agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de pesquisa. Agradecemos à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Pró-Reitoria de Pesquisa e Inovação da Universidade Federal de Pernambuco (PROPESQI-UFPE) pelo apoio financeiro, e à Micoteca URM da Universidade Federal de Pernambuco pela assistência em a execução deste estudo.

Conformidade com os Padrões Éticos

Divulgação de potenciais conflitos de interesse

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Pesquisa envolvendo participantes humanos e/ou animais

Não aplicável.

Consentimento informado

Todos os autores revisaram o manuscrito e aprovaram sua submissão à Plant Pathology.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bacon, C.W., Yates, I. E. (2006) Endophytic root colonization by *Fusarium* species: histology, plant interactions, and toxicity. In: *Microbial root endophytes*. Springer, Berlin, Heidelberg, p. 133-152,
- Bacon, C.W., Glenn, A. E., Yates, I. E. (2008) *Fusarium verticillioides*: managing the endophytic association with maize for reduced fumonisins accumulation. *Toxin Reviews*, v. 27, n. 3-4, p. 411-446.
- Bashyal, Bishnu Maya et al. (2019). Understanding the secondary metabolite production of *Gibberella fujikuroi* species complex in genomic era. *Indian Phytopathology*, v. 72, n. 4, p. 607-617.
- Burgess, L. W. (2014). 2011 McAlpine memorial lecture-a love affair with *Fusarium*. *Australasian Plant Pathology*, 43(4), 359-368.

- Cai, L., Giraud, T., Zhang, N., Begerow, D., Cai, G., Shivas, R. G. (2011) The evolution of species concepts and species recognition criteria in plant pathogenic fungi. *Fungal Diversity*, v. 50, n. 1, p. 121.
- Castellani, A. A. (1967) Maintenance and cultivation of the common pathogenic fungi of man in sterile distilled water. Further researches. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* v. 70, n. 8, p. 181.
- Chang, K. F., et al. (2015) "First report of *Fusarium proliferatum* causing root rot in soybean (*Glycine max* L.) in Canada." *Crop Protection* 67 (2015): 52-58.
- Crous, P. W. et al. Citizen science project reveals novel fusarioid fungi (Nectriaceae, Sordariomycetes) from urban soils. *Fungal systematics and evolution*, v. 8, n. 1, p. 101-127, 2021.
- da Silva, W.L., Clark, C.A. (2013) Infection of sweetpotato by *Fusarium solani* and *Macrophomina phaseolina* prior to harvest. *Plant Dis.* 97:1636–1644.
- Douriet-Angulo, A., et al. (2019) "Maize stalk rot caused by *Fusarium falciforme* (FSSC 3+ 4) in Mexico." *Plant Disease* 103.11 (2019): 2951.
- Duarte, Y. et al. (2019) Primeiro relato de *Fusarium falciforme* afetando o feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) em Cuba. *Novos relatórios de doenças* , v. 40, n. 1 p. 9-9.
- Edgar, Robert C. (2004) MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic acids research*, v. 32, n. 5, p. 1792-1797.
- EMBRAPA (2015) batata-doce. Disponível em: <https://www.embrapa.br/web/portal/hortalicas/batata-doce>. Acessado em 25 de janeiro de 2017.
- FAOSTAT (2023) FAO Statistical Database. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acessado 11 de abril de 2020.
- Farr, D.F, & Rossman, A.Y. (2021) Fungal Databases, US National Fungus Collections, ARS, USDA. Recuperado em 7 de outubro de 2021, em <https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/>.

- Freeman, S. et al. First report of mango malformation disease caused by *Fusarium pseudocircinatum* in Mexico. *Plant Disease*, v. 98, n. 11, p. 1583-1583, 2014.
- Gerlach, W., Nirenberg, H., Eckart, I., Rummland, I., Schwarz, R. (1982) The genus *Fusarium*: a pictorial atlas. Berlin: Kommissionsverlag P. Parey.
- Gonzalez, M. S., et al. (2003) "First report of *Fusarium denticulatum* from sweet potato in Venezuela." *Plant disease* 87.2 (2003): 202-202.
- Guarnaccia, V., Van Niekerk, J., Crous, P., & Sandoval-Denis, M. (2021). Neocosmospora spp. associated with dry root rot of citrus in South Africa. *Phytopathologia Mediterranea*, 60(1), 79-100.
- Hyde, K. D., Nilsson, R. H., Alias, S. A., Ariyawansa, H. A., Blair, J. E., Cai, L., & Gorczak, M. et al. (2014) One stop shop: backbones trees for important phytopathogenic genera: I (2014). *Fungal Diversity*, v. 67, n. 1, p. 21-125.
- IBGE- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2020) Censo agropecuário. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/estadosat/temas.php?sigla=pe&tema=lavouratemporaria2018>. Acessado em 28 de março de 2020.
- Kedera, C. J., Leslie, J. F., Claflin, L. E. (1992) Systemic infection of corn by *Fusarium moniliforme*. *Phytopathology*, v. 82, p. 1138.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. (2016) MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, v. 33, n. 7, p. 1870-1874.
- Leslie, J. F., Summerell, B. A. (2006) *Fusarium* laboratory workshops--A recent history. *Mycotoxin Research*, v. 22, n. 2, p. 73.
- Lima, E. N., Oster, A. H., Bordallo, P. N., Araújo, A. A., Silva, D. E., & Lima, C. S. (2021). A novel lineage in the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex is one of the causal agents of *Fusarium* rot on melon fruits in northeast Brazil. *Plant Pathology*, 70(1), 133-143.
- Liu, Y. J., Whelen, S., Hall, B. D. (1999) Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Molecular biology and evolution*, v. 16, n. 12, p. 1799-1808.

- Lombard, L., Sandoval-Denis, M., Lamprecht, S. C., & Crous, P. W. (2019). Epitypification of *Fusarium oxysporum*—clearing the taxonomic chaos. *Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43(1), 1-47.
- Lu, M., Zhang, Y., Li, Q., Huang, S., Tang, L., Chen, X., & Ma, L. A. (2022). First report of leaf blight caused by *Fusarium pernambucanum* and *Fusarium sulawesiense* on plum in Sichuan, China. *Plant Disease*, 106(10), 2759.
- Maryani, n., Lombard, l., Poerba, y. S., Subandiyah, s., Crous, p. W., Kema, G. H. J. (2019) Phylogeny and genetic diversity of the banana *Fusarium* wilt pathogen *Fusarium oxysporum* *Fusarium* sp. cubense in the Indonesian centre of origin. *Studies in Mycology*, v. 92, p. 155-194.
- Mello, J. F. (2021) et al. Identification and pathogenicity of Botryosphaeriaceae species associated with root and stem rot of sweet potato in Brazil. *Plant Pathology*, v. 70, n. 7, p. 1601-1615.
- Merlington, A., et al. (2014) "First report of *Fusarium proliferatum* causing dry rot in Michigan commercial potato (*Solanum tuberosum*) production." *Plant disease* 98.6 (2014): 843-843.
- Michereff, S.J., Andrade, D.E.G.T., Peruch, L.A.M. Menezes M. (2005) Importância dos patógenos e das doenças radiculares em solos tropicais. In: Michereff, S.J., Andrade, D.E.G.T. and Menezes, M. (Eds) *Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais* – Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, pp. 1-18.
- Miller, M.A., Pfeiffer, W. And Schwartz, T. (2010) “Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees" in *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 14 Nov. 2010, New Orleans, LA pp, 1 - 8.
- Montoya-Martínez, Amelia C. et al. Malformation Disease in *Tabebuia rosea* (*Rosy Trumpet*) Caused by *Fusarium pseudocircinatum* in Mexico. *Plant Disease*, v. 105, n. 10, p. 2822-2829, 2021.
- O'Donnell K, Kistler HC, Cigelnik E, Ploetz RC. (1998). Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 95: 2044–2049.
- O'Donnell K, Nirenberg HI, Aoki T, Cigelnik E (2000) A Multigene phylogeny of the *Gibberella fujikuroi* species complex: Detection of additional phylogenetically distinct species. *Mycoscience* 41:61–78.

- O'Donnell, K., Sutton, D. A., Rinaldi, M. G., Sarver, B. A., Balajee, S. A., Schroers, H. J., ... & Geiser, D. M. (2010). Internet-accessible DNA sequence database for identifying fusaria from human and animal infections. *Journal of Clinical Microbiology*, v 48, n10, p. 3708-3718.
- O'Donnell K, Ward TJ, Robert VARG, Crous PW, Geiser DM, Kang S. (2015) DNA sequence-based identification of *Fusarium*: current status and future directions. *Phytoparasitica* 43:583–595.
- Pio-Ribeiro, G., Mariano, R.L.R., Pereira Carvalho, R.C., Souza, E.B. Melo Filho, P.A. (2016) Doenças Da Batata-Doce. In: Kimati, H, Amorim, L Rezende, Jam, Bergamin Filho, A. And Camargo, L.E.A. (Eds). *Manual de Fitopatologia Volume 2: Doenças das Plantas Cultivadas*. São Paulo: Ed. Ceres, ed.5, pp.149-157.
- Posada, D., and Buckley, T.R. (2004) Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of Akaike information criterion and Bayesian approaches over likelihood ratio tests. *Systematic biology*, v. 53, n. 5, p. 793-808.
- Queiroga, R. C. F. D., Santos, M. A. D., Menezes, M. A. D., Vieira, C. P. G., Silva, M. D. C. (2007) Fisiologia e produção de cultivares de batata-doce em função da época de colheita. *Horticultura Brasileira*, v. 25, n. 3, p. 371-374.
- Rambaut, A. (2009) FigTree 1.2.2. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>. Acessado em abril de 2014.
- Rannala, B., and Yang, Z. (1996) Probability distribution of molecular evolutionary trees: a new method of phylogenetic inference. *Journal of molecular evolution*, v. 43, n. 3, p. 304-311.
- Rayner, R. W. (1970). *Fungi; color; identification*. Common wealth Mycological Institute, Kew.
- Ronquist, F., and Huelsenbeck, J.P. (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, v. 19, n. 12, p. 1572-1574.
- Sandoval-Denis, M., & Crous, P. W. (2018) Removing chaos from confusion: assigning names to common human and animal pathogens in *Neocosmospora*. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 41, 109.
- Sandoval-Denis, M., Lombard, L., & Crous, P. (2019) Back to the roots: a reappraisal of *Neocosmospora*. *Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 43(1), 90-185.

- Santos, A.C.S., Trindade, J.V.C., Lima, C.S., Barbosa, R.N., Costa, A.F., Tiago, P.V., Oliveira, N.T., (2019). Morphology, phylogeny and sexual stage of *Fusarium caatingaense* and *Fusarium pernambucanum*, new species of the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex associated with insects in Brazil. *Mycologia* 111, 244-259.
- Schulz, B., & Boyle, C. (2005). The endophytic continuum. *Mycological research*, 109(6), 661-686.
- Silva, S.G.A et al. (2020). A podridão de *Fusarium* em meloeiro é causada por duas espécies do complexo de espécies *Fusarium solani* (fssc). Análise filogenética e reação de genótipos de meloeiro, p. 20.
- Sousa, E. S., et al. (2017) "First report of *Fusarium falciforme* (FSSC 3+ 4) causing root rot in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Brazil." *Plant Disease* 101.11 (2017): 1954-1954.
- Summerell, B. A., Leslie, J. F. (2011) Fifty years of *Fusarium*: how could nine species have ever been enough. *Fungal Diversity*, v. 50, n. 1, p. 135.
- Sung, G. H., Sung, J. M., Hywel-Jones, N. L., Spatafora, J. W. (2007) A multi-gene phylogeny of Clavicipitaceae (Ascomycota, Fungi): Identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. *Molecular phylogenetics and evolution*, v. 44, n. 3, p. 1204-1223.
- Wheeler, T., Rush, C. M. Soilborne diseases. *Encyclopedia of Plant Pathology*, v. 2, p. 935-947, 2001.
- Yang, Jung-Wook et al. (2018) *Fusarium* root rot caused by *Fusarium solani* on sweet potato (*Ipomoea batatas*) in South Korea. *Canadian Journal of Plant Pathology*, v. 40, n. 1, p. 90-95.
- Zhang, Y., Chen, C., Zhao, J., Chen, C., Lin, J., Jayawardena, R. S., ... & You, C. (2021). *Fusarium elaeidis* Causes Stem and Root Rot on *Alocasia longiloba* in South China. *Pathogens*, 10(11), 1395.

8 CONCLUSÕES DA TESE

- As espécies pertencentes aos gêneros fusarióides *Fusarium* e *Neocosmospora*: *F. pernambucanum*, *F. caatingaense*, *F. annulatum*, *F. pseudocircinatum*, *Fusarium elaeidis*, *N. suttoniana*, *N. falciformis* e *F. agrestense* estão relacionadas com a podridão radicular e das ramas da cultura da batata-doce no Brasil;
- A espécie *Fusarium agrestense* proveniente de ramas de batata-doce com sintomas de podridão consiste em uma novidade taxonômica para a ciência e para o estudo dos fungos fitopatogênicos;
- Isolados de *Fusarium* spp. e *Neocosmospora* spp. que colonizam endofiticamente tecidos vegetais, possuem a capacidade de causar doenças em seu hospedeiro;

- Este é o primeiro relato da espécie *Geotrichum candidum* como agente etiológico de podridões radiculares e das ramas de batata-doce no Brasil.

9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS DA TESE

AGRIOS, G.N. **Plant pathology, 5th edition**. New York: Academic Press, 2005.

ALPER, I., FRENETTE, M. & LABRIE, S. Ribosomal DNA polymorphisms in the yeast *Geotrichum candidum*. **Fungal Biology**, 115,1259–1269,2011.

ARMSTRONG, GM, AND ARMSTRONG, JK. *Formae speciales* and races of *Fusarium oxysporum* causing wilt diseases. Pages 391-399 in: *Fusarium: Disease, Biology and Taxonomy*. PE Nelson, TA Toussoun and RJ Cook, editors. The Pennsylvania State University Press, University Park, London, 1981.

AOKI, T., O'DONNELL, K., GEISER, D. M. Systematics of key phytopathogenic *Fusarium* species: current status and future challenges. **Journal of General Plant Pathology**, v. 80, p. 189-201, 2014.

ARNOLD, A. E. 2007. Understanding the diversity of foliar endophytic fungi: progress, challenges, and frontiers. **Fungal biology reviews**, v. 21, n. 2-3, p. 51-66, 2007.

AUSTIN, D.F. The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. **Exploration, maintenance, and utilization of sweet potato genetic resources**, p. 27-60, 1988.

BACON, C.W., YATES, I. E. Endophytic root colonization by *Fusarium* species: histology, plant interactions, and toxicity. In: *Microbial root endophytes*. **Springer, Berlin, Heidelberg**, p. 133-152, 2006.

BACON, C.W., GLENN, A. E., YATES, I. E. *Fusarium verticillioides*: managing the endophytic association with maize for reduced fumonisins accumulation. **Toxin Reviews**, v. 27, n. 3-4, p. 411-446, 2008.

BACON, C.W., HINTON, D. M. Fungal and Bacterial Maize Kernel Interactions with the Vertically Transmitted Endophytic State of *Fusarium verticillioides*. In: **Seed Endophytes**. Springer, Cham, p. 191-209, 2019.

BAAYEN RP. Diagnosis and detection of host-specific forms of *Fusarium oxysporum*.. EPPO Bulletin. 30:489–91, 2000.

BOEREMA, G. H., LOERAKKER, W. M., HAMERS, M. E. C. Contributions towards a monograph of *Phoma* (*Coelomycetes*)—III. 2. Misapplications of the type species name and the generic synonyms of section *Plenodomus* (Excluded species). **Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 16, n. 2, p. 141-189, 1996.

BURGESS, L.W., TRIMBOLI, D. Characterization and distribution of *Fusarium nygamai*, sp.nov. **Mycologia**, 78:223–29, 1986.

BURGESS, L.W., SUMMERELL, B. A., BULLOCK, S., GOTT, K. P., BACKHOUSE, D. Laboratory Manual for *Fusarium* Research, 3rd. Edition **Dept. of Crop Sciences, University of Sidney**, 1994.

CAI, L., GIRAUD, T., ZHANG, N., BEGEROW, D., CAI, G., SHIVAS, R. G. The evolution of species concepts and species recognition criteria in plant pathogenic fungi. **Fungal Diversity**, v. 50, n. 1, p. 121, 2011.

CARDOSO, A. D., VIANA, A. E. S., RAMOS, P. A.S., MATSUMOTO, S. N., AMARAL, C. L. F., SEDIYAMA, T., MORAIS, O. M. Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 4, p. 911-914, 2005.

CASTELLANI, A. A. Maintenance and cultivation of the common pathogenic fungi of man in sterile distilled water. Further researches. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene** v. 70, n. 8, p. 181, 1967.

CAVALCANTI, A. D., DA SILVA SANTOS, A. C., DE OLIVEIRA FERRO, L., BEZERRA, J. D., SOUZA-MOTTA, C. M., MAGALHÃES, O. M. C. 2020. *Fusarium massalimae* sp. nov. (*F. lateritium* species complex) occurs endophytically in leaves of *Handroanthus chrysotrichus*. **Mycological Progress**, 19, 1133-1142.

CHAPLA, V. M., BIASETTO, C. R., ARAUJO, A. R. Fungos endofíticos: uma fonte inexplorada e sustentável de novos e bioativos produtos naturais. **Revista Virtual de química**, p. 421-437, 2013.

CHENNIAPPAN, C., DANIEL, G. M., PONNUSAMY, P., NARAYANASAMY, M. Association of multiple fungal pathogens to rhizome rot disease of turmeric. **Archives of Phytopathology and Plant Protection**, v. 53, n. 9-10, p. 440-458, 2020.

CHEHRI, Khosrow; SALLEH, Baharuddin; ZAKARIA, Latiffah. Morphological and phylogenetic analysis of *Fusarium solani* species complex in Malaysia. **Microbial ecology**, v. 69, n. 3, p. 457-471, 2015.

CHITARRA, M. I. F., CHITARRA, A. B. Pós-colheita de frutos hortaliças: fisiologia e manuseio. 2aed. **Lavras, EDUFLA**. 785p, 2005.

CLARK, C.A., HOLMES, G.J., FERRIN, D.M. Major Fungal and Bacterial Diseases. In: LOEBENSTEIN, G., THOTTAPPILLY, G. (Eds.). **The sweet potato**. Springer Science & Business Media, pp. 81-104, 2009.

CLARKE, K. R., GORLEY, R. N. PRIMER v6: User manual/tutorial: **Plymouth. Plymouth, UK: Primer-E, Ltd**, 2006.

COVERT, S. F., BRILEY, A., WALLACE, M. M., MCKINNEY, V. T. Partial MAT-2 gene structure and the influence of temperature on mating success in *Gibberella circinata*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 28, n. 1, p. 43-54, 1999.

CROUS, P. W., HAWKSWORTH, D. L., WINGFIELD, M. J. Identifying and naming plant-pathogenic fungi: past, present, and future. **Annual Review of Phytopathology**, v. 53, p. 247-267, 2015.

CROUS, P. W. et al. Citizen science project reveals novel fusarioid fungi (*Nectriaceae*, *Sordariomycetes*) from urban soils. **Fungal systematics and evolution**, v. 8, n. 1, p. 101-127, 2021.

CUCU, MA, GILARDI, G., PUGLIESE, M., GULLINO, ML, GARIBALDI, A. An assessment of the modulation of the population dynamics of pathogenic *Fusarium oxysporum* *Fusarium* sp. *lycopersici* in the tomato rhizosphere by means of the application of *Bacillus subtilis* QST 713, *Trichoderma* sp. TW2 and two composts. **Biological Control**, v. 142, p. 104158, 2020.

DA SILVA, W.L., CLARK, C.A. Infection of sweetpotato by *Fusarium solani* and *Macrophomina phaseolina* prior to harvest. *Plant Dis.* 97:1636–1644, 2013.

- DEAN, R., VAN KAN, J. A., PRETORIUS, Z. A., HAMMOND-KOSACK, K. E., DI PIETRO, A., SPANU, P. D., RUDD, J. J., DICKMAN, M., KAHMANN, R., ELLIS, J., FOSTER, G. D. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. **Molecular plant pathology**, v. 13, n. 4, p. 414-430, 2012.
- DE MELLO, J. F., BRITO, A. C., VIEIRA, J. C., CÂMARA, M. P., MICHEREFF, S. J., DE SOUZA-MOTTA, C. M., & MACHADO, A. R. Identification and pathogenicity of Botryosphaeriaceae species associated with root and stem rot of sweet potato in Brazil. **Plant Pathology**, v. 70, n. 7, p. 1601-1615, 2021.
- DE MIRANDA, J. E. C., FRANÇA, F. H., CARRIJO, O. A., SOUZA, A. F., PEREIRA, W., & LOPES, C. A. Batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Embrapa Hortaliças-Circular Técnica** (INFOTEC-A-E), 1989.
- EDEL-HERMANN, V., & LECOMTE, C. Current status of *Fusarium oxysporum* formae speciales and races. **Phytopathology**, v. 109, n. 4, p. 512-530, 2019.
- EDGAR, Robert C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. **Nucleic acids research**, v. 32, n. 5, p. 1792-1797, 2004.
- EDMOND, J. B., AMMERMAN, G. R. Sweet potatoes: Production, processing, marketing, 1971.
- EMBRAPA .2008. batata-doce. Disponível em: <https://www.embrapa.br/web/portal/hortalicas/batata-doce>. Acessado em 25 de janeiro de 2017.
- FAOSTAT. 2020. FAO Statistical Database. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acessado 11 de abril de 2020.
- FRAVEL D, OLIVAIN C, ALABOUVETTE C. *Fusarium oxysporum* and its biocontrol. **New Phytol.** V 157(3), p. 493–502. 2003.
- GALVAGNO, M. A., FORCHIASSIN, F. Fisiologia dos Fungos: crescimento, morfologia e diferenciação. **Fungos: uma introdução à biologia bioquímica e biotecnologia**, v. 2, 2010.
- GARGOURI S, BALMAS V, BURGESS L, PAULITZ T, LARABA I, KIM HS, PROCTOR RH, BUSMAN M, FELKER FC, MURRAY T, O'DONNELL K. 2020. An endophyte of *Macrochloa tenacissima* (esparto or needle grass) from Tunisia is a novel species in the *Fusarium redolens* species complex. *Mycologia* 112:1–16. <https://doi.org/10.1080/00275514.2020.1767493>
- GEISER, DM, DEL MAR JIMÉNEZ-GASCO, M., KANG, S., MAKALOWSKA, I., VEERARAGHAVAN, N., WARD, TJ., ZANG, N., KULDAU, G.A., O'DONNELL, K. FUSARIUM-ID v. 1.0: a DNA sequence database for identifying *Fusarium*. **European journal of plant pathology**, v. 110, n. 5-6, p. 473-479, 2004.
- GEISER, D. M., AOKI, T., BACON, C. W., BAKER, S. E., BHATTACHARYYA, M. K., BRANDT, M. E., & CORRELL, J. et al. One fungus, one name: defining the genus *Fusarium* in a scientifically robust way that preserves longstanding use. **Phytopathology**, v. 103, n. 5, p. 400-408, 2013.
- GERLACH, W., NIRENBERG, H., ECKART, I., RUMMLAND, I., SCHWARZ, R. **The genus *Fusarium*: a pictorial atlas**. Berlin: Kommissionsverlag P. Parey, 1982.
- GORDON, TR e MARTYN, RD. The evolutionary biology of *Fusarium oxysporum*. **Anu. Rev. Fitopatol.** v 35, p. 111-128, 1997.
- GUARRO, J., GENÉ, J., STCHIGEL, A. M. Desenvolvimentos em taxonomia fúngica. **Clinical microbiology reviews** , v. 12, n. 3, p. 454-500, 1999.

HALL, M. R., PHATAK, S. C. Sweet potato: *Ipomoea batatas* (L) Lam. In: **Genetic improvement of vegetable crops**. Pergamon, p. 693-708, 1993.

HALL, T. BioEdit v7.0.9: Biological sequence alignment editor for Win95/98/2K/XP/7. Disponível em: <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit.html>. Acessado em: julho de 2014.

HAMI, A., RASOOL, R. S., KHAN, N. A., MANSOOR, S., MIR, M. A., AHMED, N., MASOODI, K. Z. Morpho-molecular identification and first report of *Fusarium equiseti* in causing chilli wilt from Kashmir (Northern Himalayas). **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 1-14, 2021.

HARTER, L.L., WEIMER, J. L. **A monographic study of sweet-potato diseases and their control**, 1929.

HILL, W. A., BONSI, C. K., LORETAN, P. A. **Sweetpotato technology for the 21st century**. Tuskegee University, Tuskegee, Ala. (EUA), 1992.

HSIEH, W. H., SMITH, S. N., SNYDER, W. C. Mating groups in *Fusarium moniliforme*. **Phytopathology**, v. 67, n. 8, p. 1041-1043, 1977.

HUANG, J. C., SUN, M. Genetic diversity and relationships of sweetpotato and its wild relatives in *Ipomoea* series Batatas (Convolvulaceae) as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) and restriction analysis of chloroplast DNA. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, n. 7, p. 1050-1060, 2000.

HUANG, LIFEI et al. High-quality genome resource of *Diaporthe destruens* causing foot rot disease of sweet potato. **Plant Disease**, v. 105, n. 10, p. 3279-3281, 2021.

HYDE, K. D., NILSSON, R. H., ALIAS, S. A., ARIYAWANSA, H. A., BLAIR, J. E., CAI, L., & GORCZAK, M. et al. One stop shop: backbone trees for important phytopathogenic genera: I (2014). **Fungal Diversity**, v. 67, n. 1, p. 21-125, 2014.

IBGE- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. 2023. Censo agropecuário. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/estadosat/temas.php?sigla=pe&tema=lavouratemporaria2018>. Acessado em 26 de junho de 2023.

IGNJATOV, M., MILOŠEVIĆ, D., NIKOLIĆ, Z., TAMINDŽIĆ, G., STOJANOVIĆ, M., POPOVIĆ, V., IVANOVIĆ, Ž. First Report of *Fusarium proliferatum* as the Causal Agent of Seed Rot of *Hyssopus officinalis* in Serbia. **Plant Disease**, v. 104, n. 6, p. 1864-1864, 2020.

INDEX FUNGORIUM, 2018. Disponível em: <<http://www.indexfungorum.org/>>. Acessado em 15 de agosto de 2018.

JACKSON, D. M., BOHAC, J. R., DALIP, K. M., MCCOMIE, L., CHUNG, P., SEAL, D., MCDONALD, F. D. Integrated pest management of major pests affecting sweet potato, *Ipomoea batatas*, in the Caribbean. **IPM CRSP, Integrated Pest Management Collaborative Research Support Program, Eighth Annual Report**, v. 2001, p. 127-147, 2000.

KEDERA, C. J., LESLIE, J. F., CLAFLIN, L. E. Systemic infection of corn by *Fusarium moniliforme*. **Phytopathology**, v. 82, p. 1138, 1992.

KHARWAR, R. N., MISHRA, A., GOND, S. K., STIERLE, A., STIERLE, D. Anticancer compounds derived from fungal endophytes: their importance and future challenges. **Natural product reports**, v. 28, n. 7, p. 1208-1228, 2011.

- KLITTICH, C. J., LESLIE, J. F., NELSON, P. E., MARASAS, W. F. *Fusarium thapsinum* (*Gibberella thapsina*): a new species in section Liseola from sorghum. **Mycologia**, v. 89, n. 4, p. 643-652, 1997.
- KÖLJALG, U., NILSSON, R. H., ABARENKOV, K., TEDERSOO, L., TAYLOR, A. F., BAHRAM, M., & DOUGLAS, B. et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi. **Molecular ecology**, v. 22, n. 21, p. 5271-5277, 2013.
- KRANZ, J., SCHUMUTTERUR, H., KOCH, W. **Diseases pest and weeds in tropical crops**. Berlim: Verlag Paul Parey, p. 666, 1977.
- KUMAR, S., STECHER, G., TAMURA, K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. **Molecular biology and evolution**, v. 33, n. 7, p. 1870-1874, 2016.
- LAURENCE, M. H., SUMMERELL, B. A., BURGESS, L. W., LIEW, E. C. Genealogical concordance phylogenetic species recognition in the *Fusarium oxysporum* species complex. **Fungal Biology**, v. 118, n. 4, p. 374-384, 2014.
- LESLIE, J. F. *Gibberella fujikuroi*: available populations and variable traits. **Canadian Journal of Botany**, v. 73, n. S1, p. 282-291, 1995.
- LESLIE, J. F., ZELLER, K. A., SUMMERELL, B. A. Icebergs and species in populations of *Fusarium*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 59, n. 3, p. 107-117, 2001.
- LESLIE, J. F., SUMMERELL, B. A. *Fusarium* laboratory workshops--A recent history. **Mycotoxin Research**, v. 22, n. 2, p. 73, 2006.
- LIMA, E. N., OSTER, A. H., BORDALLO, P. N., ARAÚJO, A. A., SILVA, D. E., & LIMA, C. S. A novel lineage in the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex is one of the causal agents of *Fusarium* rot on melon fruits in northeast Brazil. *Plant Pathology*, 70(1), 133-143, 2021.
- LIU, MAN et al. Research progress on postharvest sweet potato spoilage fungi *Ceratocystis fimbriata* and control measures. **Food Bioscience**, p. 102627, 2023.
- LIU, Y. J., WHELEN, S., HALL, B. D. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. **Molecular biology and evolution**, v. 16, n. 12, p. 1799-1808, 1999.
- LOEBENSTEIN, G. Origin, Distribution and Economic Importance. In: LOEBENSTEIN, G., THOTTAPPILLY, G (Eds.). **The sweet potato**. Springer Science & Business Media, pp. 9-12, 2009.
- LOEBENSTEIN, G. Virus and Phytoplasma Diseases. In: LOEBENSTEIN, G., THOTTAPPILLY, G. (Eds.). **The sweet potato**. Springer Science & Business Media, pp. 105-134, 2009.
- LOMBARD, L., SANDOVAL-DENIS, M., CAI, L., CROUS, P. W. Changing the game: resolving systematic issues in key *Fusarium* species complexes. **Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 43, p. I, 2019.
- MAFIA, R. G. et al. Preparações e observações microscópicas de espécimes fúngicos. Alfenas, AC; Mafia, RG **Métodos em fitopatologia**, v. 2, p. 207-224, 2016.
- MARKAKIS, Emmanouil A. et al. First Report of Stem Canker of Almond Trees Caused by *Fusarium solani* in Greece. **Plant Disease**, v. 105, n. 9, p. 2724, 2021.
- MARYANI, N., LOMBARD, L., POERBA, Y. S., SUBANDIYAH, S., CROUS, P. W., KEMA, G. H. J. Phylogeny and genetic diversity of the banana *Fusarium* wilt pathogen *Fusarium oxysporum* *Fusarium* sp. *cubense* in the Indonesian centre of origin. **Studies in Mycology**, v. 92, p. 155-194, 2019.

- MARÍN, S., HOMEDES, V., SANCHIS, V., RAMOS, A. J., MAGAN, N. Impact of *Fusarium moniliforme* and *F. proliferatum* colonisation of maize on calorific losses and fumonisin production under different environmental conditions. **Journal of Stored Products Research**, v. 35, n. 1, p. 15-26, 1999.
- MAYR, E. Speciation phenomena in birds. **The American Naturalist**, v. 74, n. 752, p. 249-278, 1940.
- MAYR, E. Animal species and evolution. **Animal species and evolution**, 1963.
- MATUO, T., SNYDER, W. C. Use of morphology and mating populations in the identification of formae speciales in *Fusarium solani*. **Phytopathology**, v. 63, n. 5, p. 562-565, 1973.
- MICHEREFF, S.J., ANDRADE, D.E.G.T., PERUCH, L.A.M. MENEZES M. Importância dos patógenos e das doenças radiculares em solos tropicais. In: Michereff, S.J., Andrade, D.E.G.T. and Menezes, M. (Eds) **Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais** – Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, pp. 1-18, 2005.
- MILLER, M.A., PFEIFFER, W. AND SCHWARTZ, T. "Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees" in **Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)**, 14 Nov. 2010, New Orleans, LA pp, 1 – 8, 2010.
- NELSON, Paul E.; TOUSSOUN, Tewfik Adil; MARASAS, W. F. O. **Fusarium species: an illustrated manual for identification**. 1983.
- NIRENBERG, H. I. Untersuchungen über die morphologische und biologische Differenzierung in der *Fusarium* Sektion Liseola. **Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt Für Land- und Forstwirtschaft (Berlin – Dahlem)** 169: 1-117, 1976.
- NIRENBERG, H. I., O'DONNELL, K. New *Fusarium* species and combinations within the *Gibberella fujikuroi* species complex. **Mycologia**, v. 90, n. 3, p. 434-458, 1998.
- O'DONNELL, K., KISTLER, H. C., TACKE, B. K., CASPER, H. H. Gene genealogies reveal global phylogeographic structure and reproductive isolation among lineages of *Fusarium graminearum*, the fungus causing wheat scab. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 97, n. 14, p. 7905-7910, 2000.
- O'DONNELL, K., SUTTON, D. A., FOTHERGILL, A., MCCARTHY, D., RINALDI, M. G., BRANDT, M. E., & GEISER, D. M. et al. Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 46, n. 8, p. 2477-2490, 2008.
- O'DONNELL, K., GUEIDAN, C., SINK, S., JOHNSTON, P. R., CROUS, P. W., GLENN, A., & VAN DER LEE, T. et al. A two-locus DNA sequence database for typing plant and human pathogens within the *Fusarium oxysporum* species complex. **Fungal Genetics and Biology**, v. 46, n. 12, p. 936-948, 2009.
- O'DONNELL, K., GUEIDAN, C., SINK, S., JOHNSTON, PR, CROUS, PW E GLENN, A. OneTwo-locus DNA sequence database for typing plant and human pathogens within the *Fusarium oxysporum* species complex. **Fungal Genet. Biol.** v 46, p.936-948,2009.
- O'DONNELL, K., ROONEY, A. P., PROCTOR, R. H., BROWN, D. W., MCCORMICK, S. P., WARD, T. J., & ROBERT, V. A. et al. Phylogenetic analyses of RPB1 and RPB2 support a middle Cretaceous origin for a clade comprising all agriculturally and medically important fusaria. **Fungal Genetics and Biology**, v. 52, p. 20-31, 2013.

- O'DONNELL K, SUTTON D, WIEDERHOLD N, ROBERT V, CROUS P, GEISER D. Veterinary Fusarioses within the United States. *J Clin Microbiol.* ;5(11):2813–9, 2016.
- OKELLO, P. N., PETROVIC, K., SINGH, A. K., KONTZ, B., MATHEW, F. M Characterization of species of *Fusarium* causing root rot of Soybean (*Glycine max* L.) in South Dakota, USA. **Canadian Journal of Plant Pathology**, p. 1-12, 2020.
- OLIVAIN, C. & ALABOUVETTE, C. Process of tomato root colonization by a pathogenic strain of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* in comparison with a non-pathogenic strain. **The New Phytologist**, v. 141, n. 3, p. 497-510, 1999.
- OSBORNE, L.E., STEIN, J. M. Epidemiology of *Fusarium* head blight on small-grain cereals. **International journal of food microbiology**, v. 119, n. 1-2, p. 103-108, 2007.
- OVERSTREET, C. Nematodes. In: LOEBENSTEIN, G., THOTTAPPILLY, G. 2009. (Eds.). **The sweet potato**. Springer Science & Business Media, pp. 135-160, 2009.
- PÁDUA, A. P. S. L. D., FREIRE, K. T. L. D. S., OLIVEIRA, T. G. L. D., SILVA, L. F. D., ARAÚJO-MAGALHÃES, G. R., AGAMEZ-MONTALVO, G. S., & SOUZA-MOTTA, C. M. D. et al. Fungal endophyte diversity in the leaves of the medicinal plant *Myracrodruon urundeuva* in a Brazilian dry tropical forest and their capacity to produce L-asparaginase. **Acta Botanica Brasilica**, v. 33, n. 1, p. 39-49, 2019.
- PAES, S. A., ROSADO, A. W. C., REIS, A., & PEREIRA, O. L. Molecular phylogeny and morphological characterization of the aetiological agent of sour rot on fruits and vegetables in Brazil. **Plant Pathology**, 71(2), 386-399, 2022.
- PANG, LING-JIANG et al. Engineered nanomaterials suppress the soft rot disease (*Rhizopus stolonifer*) and slow down the loss of nutrient in sweet potato. **Nanomaterials**, v. 11, n. 10, p. 2572, 2021.
- PEREIRA, R. B., FERNANDES, F. R., PINHEIRO, J. B. Recomendações para manejo da podridão-do-pé em batata-doce. **Embrapa Hortaliças-Comunicado Técnico (INFOTECA-E)**, 2011.
- PIO-RIBEIRO, G., MARIANO, R.L.R., PEREIRA CARVALHO, R.C., SOUZA, E.B. MELO FILHO, P.A. Doenças da Batata-Doce. In: KIMATI, H, AMORIM, L REZENDE, JAM, BERGAMIN FILHO, A. AND CAMARGO, L.E.A. (Eds). **Manual de Fitopatologia Volume 2: Doenças das Plantas Cultivadas**. São Paulo: Ed. Ceres, ed.5, pp.149-157, 2016.
- PINHO, D. B., FIRMINO, A. L., FERREIRA-JUNIOR, W. G., PEREIRA, O. L. An efficient protocol for DNA extraction from Meliolales and the description of *Meliola centellae* sp. nov. **Mycotaxon**, v. 122, n. 1, p. 333-345, 2012.
- PINHO, D. B., MACHADO, A. R., FIRMINO, A. L. Princípios e métodos para identificação molecular de fungos. **Métodos em Fitopatologia**. 2ª ed. Viçosa: Editora UFV, v.2, p. 389-422, 2016.
- POSADA, D., BUCKLEY, T. R. Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of Akaike information criterion and Bayesian approaches over likelihood ratio tests. **Systematic biology**, v. 53, n. 5, p. 793-808, 2004.
- QUEIROGA, R. C. F. D., SANTOS, M. A. D., MENEZES, M. A. D., VIEIRA, C. P. G., SILVA, M. D. C. Fisiologia e produção de cultivares de batata-doce em função da época de colheita. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 3, p. 371-374, 2007.
- RAMBAUT, A. 2009. FigTree 1.2.2. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>. Acessado em abril de 2014.

- RANNALA, B., YANG, Z. Probability distribution of molecular evolutionary trees: a new method of phylogenetic inference. **Journal of molecular evolution**, v. 43, n. 3, p. 304-311, 1996.
- RAYNER, R. W. Fungi; color; identification. Common wealth Mycological Institute, Kew.1970.
- RODRIGUES, A. A., MENEZES, M. Detecção de fungos endofíticos em sementes de caupi provenientes de Serra Talhada e de Caruaru, Estado de Pernambuco. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, n. 5, p. 532-537, 2002.
- RONQUIST, F., HUELSENBECK, J.P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, n. 12, p. 1572-1574, 2003.
- ROSSMAN, A. Y., PALM-HERNÁNDEZ, M. E. Systematics of plant pathogenic fungi: why it matters. **Plant Disease**, v. 92, n. 10, p. 1376-1386, 2008.
- SANDOVAL-DENIS, M., GUARNACCIA, V., POLIZZI, G., CROUS, P. W Symptomatic Citrus trees reveal a new pathogenic lineage in *Fusarium* and two new *Neocosmospora* species. **Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 40, p. 1, 2018.
- SANDOVAL-DENIS, M., & CROUS, P. W. Removing chaos from confusion: assigning names to common human and animal pathogens in *Neocosmospora*. **Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, 41, 109,2018.
- SANTOS, A. C. D. S., TRINDADE, J. V. C., LIMA, C. S., BARBOSA, R. D. N., DA COSTA, A. F., TIAGO, P. V., DE OLIVEIRA, N. T. Morphology, phylogeny, and sexual stage of *Fusarium caatingaense* and *Fusarium pernambucanum*, new species of the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex associated with insects in Brazil. **Mycologia**, v. 111, n. 2, p. 244-259, 2019.
- SCHOCH, C. L., SEIFERT, K. A., HUHNDOERF, S., ROBERT, V., SPOUGE, J. L., LEVESQUE, C. A., & FUNGAL BARCODING CONSORTIUM. et al. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 16, p. 6241-6246,2012.
- SCOTT, G. J., ROSEGRANT, M. W., RINGLER, C. Global projections for root and tuber crops to the year 2020. **Food policy**, v. 25, n. 5, p. 561-597, 2000.
- SHWETA, S., ZUEHLKE, S., RAMESHA, B. T., PRITI, V., KUMAR, P. M., RAVIKANTH, G., & SHAANKER, R. U. et al. Endophytic fungal strains of *Fusarium solani*, from *Apodytes dimidiata* E. Mey. ex Arn (Icacinaceae) produce camptothecin, 10-hydroxycamptothecin and 9-methoxycamptothecin. **Phytochemistry**, v. 71, n. 1, p. 117-122, 2010.
- SILVA, J.B.C., DA LOPES, C.A., MAGALHÃES J.S.2014. Cultura da batata doce. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2004. (**Embrapa Hortaliças. Sistemas de produção,6**). Disponível em <http://www.cnph.embrapa.br/sistprod/batatadoce/index.htm>.
- SLIPPERS, B., WINGFIELD, M. J. Botryosphaeriaceae as endophytes and latent pathogens of woody plants: diversity, ecology and impact. **Fungal biology reviews**, v. 21, n. 2-3, p. 90-106, 2007.
- SNYDER, W. C., HANSEN, H. N. The species concept in *Fusarium* with reference to section Martiella. **American Journal of Botany**, p. 738-742, 1941.
- SOUZA, V. C., LORENZI, H. Botânica Sistemática: Guia ilustrado para identificação das famílias de fanerógamas nativas e exóticas no Brasil, baseado em APG II. 2. **São Paulo, Nova Odessa, 704p**, 2008.

- SUMMERELL, B. A., LESLIE, J. F. Fifty years of *Fusarium*: how could nine species have ever been enough?. **Fungal Diversity**, v. 50, n. 1, p. 135, 2011.
- SUMMERELL, B. A. Resolving *Fusarium*: Current status of the genus. **Annual Review of Phytopathology**, v. 57, p. 323-339, 2019.
- SUNG, G. H., SUNG, J. M., HYWEL-JONES, N. L., SPATAFORA, J. W. A multi-gene phylogeny of Clavicipitaceae (Ascomycota, Fungi): Identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 44, n. 3, p. 1204-1223, 2007.
- STOVER, R. Fusarial wilt (Panama Disease) of bananas and other Musa species. Kew: **Commonwealth Mycological Institute**, 122 p, 1962.
- TAN, R. X., ZOU, W. X. Endophytes: a rich source of functional metabolites. **Natural product reports**, v. 18, n. 4, p. 448-459, 2001.
- TAYLOR, J. W., JACOBSON, D. J., KROKEN, S., KASUGA, T., GEISER, D. M., HIBBETT, D. S., FISHER, M. C. Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. **Fungal genetics and biology**, v. 31, n. 1, p. 21-32, 2000.
- TRAIL, F., GARDINER, D. M. 11 Application of Genomics to the Study of Pathogenicity and Development in *Fusarium*. In: **Fungal Genomics**. Springer, Berlin, Heidelberg, 2014. p. 267-300, 2014.
- TOGHUEO, R. M. K. Bioprospecting endophytic fungi from *Fusarium* genus as sources of bioactive metabolites. **Mycology**, v. 11, n. 1, p. 1-21, 2020.
- UHLIG, S., JESTOI, M., PARIKKA, P. *Fusarium avenaceum*—the North European situation. **International journal of food microbiology**, v. 119, n. 1-2, p. 17-24, 2007.
- UNTERSEHER, M., PERŠOH, D., SCHNITTLER, M. Leaf-inhabiting endophytic fungi of European Beech (*Fagus sylvatica* L.) co-occur in leaf litter but are rare on decaying wood of the same host. **Fungal Diversity**, v. 60, n. 1, p. 43-54, 2013.
- VAN DIEPENINGEN, A. D., AL-HATMI, A. M., BRANKOVICS, B., DE HOOG, G. S. Taxonomy and clinical spectra of *Fusarium* species: where do we stand in 2014?. **Current Clinical Microbiology Reports**, v. 1, n. 1-2, p. 10-18, 2014.
- V, GABA., SIMA, S. Propagation of Sweetpotatoes, In Situ Germplasm Conservation and Conservation by Tissue Culture In: LOEBENSTEIN, G., THOTTAPPILLY, G. 2009. (Eds.). **The sweet potato**. Springer Science & Business Media, pp. 65-80, 2009.
- VILGALYS, R. & HESTER, M. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology*, 172, 4238–4246, 1990.
- WANG, H., XIAO, M., KONG, F., CHEN, S., DOU, H. T., SORRELL, T., & XU, Y. C. et al. Accurate and practical identification of 20 *Fusarium* species by seven-locus sequence analysis and reverse line blot hybridization, and an in vitro antifungal susceptibility study. **Journal of clinical microbiology**, v. 49, n. 5, p. 1890-1898, 2011.
- WANG, Z., LEHR, N., TRAIL, F., TOWNSEND, J. P. Differential impact of nutrition on developmental and metabolic gene expression during fruiting body development in *Neurospora crassa*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 49, n. 5, p. 405-413, 2012.
- WALSH JL, LAURENCE MH, LIEW ECY, SANGALANG AE, BURGESS LW, SUMMERELL BA, PETROVIC T. 2010. *Fusarium*: two endophytic novel species from tropical grasses of northern Australia. **Fungal Diversity** 44:149–159. <https://doi.org/10.1007/s13225-010-0035-3>

WEIMER, J.L. 1944. Some root and foot rots of lupines in the southeastern part of the United States. **J. Agric. Res** 68:441-457.

WHEELER, T., RUSH, C. M. Soilborne diseases. **Encyclopedia of Plant Pathology**, v. 2, p. 935-947, 2001.

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. (Eds.) **PCR protocols: a guide to methods and applications**. San Diego, CA, USA: Academic Press, pp. 315–322, 1990.

WOLLENWEBER, H. W., REINKING, O. A. Die Fusarien, ihre Beschreibung. **Schadwirkung und Bekämpfung**, p. 1-355, 1935.

10 APÊNDICE

10.1 ARTIGO 2: ARTIGO PUBLICADO NA REVISTA “*JOURNAL OF PLANT DISEASES AND PROTECTION*”, EM 19 DE ABRIL DE 2023, COM PARTE DOS RESULTADOS DESSA TESE (DOI: [HTTPS://DOI.ORG/10.1007/S41348-023-00748-2](https://doi.org/10.1007/S41348-023-00748-2))

Post-harvest sour rot in sweet potato is caused by *Geotrichum candidum* in Brazil

Juliana Ferreira de Mello¹ · Amanda Cupertino de Queiroz Brito¹ · Cristina Maria de Souza-Motta¹ · Alexandre Reis Machado¹

Abstract

The sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) is a common crop species in Brazil. Factors limiting its cultivation include root rot. Sweet potato roots showing rot symptoms were collected from the state of Pernambuco in Northeastern Brazil. Soft necrotic lesions along the roots, with the presence of white mycelium under the lesions and a strong odor were noted. Seven fungal isolates were obtained which showed white mycelia with hyphae fragmenting into arthroconidia. To determine the identity of the fungi, DNA was extracted and used in PCR reactions. PCR products were sequenced from the gene regions D1/D2 in 26S rRNA and compared to sequences in GenBank using BLASTn. Based on molecular results and phylogenetic analyses, the fungi were identified as *Geotrichum candidum*. Pathogenicity tests were performed which confirmed Koch's postulates. This study represents the first report of *Geotrichum candidum* causing sweet potato sour rot in Brazil.

Keywords Etiology · Pathogenicity · Sour rot · Taxonomy

Introduction

Sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) is a widely cultivated food root of great economic importance

due to its widespread adaptation to the most diverse regions, climates and soils (Queiroga et al. 2007). Although it is produced and consumed throughout the country, several factors limit its production, among them, root rot caused by fungi. The fungi that cause this disease have the ability to remain in infected plant residues for long periods, favoring the spread of the disease to other areas of cultivation. Most soil-dwelling pathogens have a high competitive capacity and remain in the soil for a long time, even after long periods of crop rotation (Michereff et al. 2005). To date, sweet potato root rot is associated with several fungal species including: *Rhizopus* sp., *Lasiodiplodia theobromae*, *Ceratocystis fimbriata*, *Diaporthe destruens* (= *Phomopsis destruens*, *Plenodomus destruens*), *D. kongii*, and *Fusarium solani* (Boerema et al., 1996; Pio-Ribeiro et al. 2016) and root and stem rot caused by *Macrophomina*, *Lasiodiplodia* and *Neoscytalidium* belonging to the Botryosphaeriaceae family (De Mello et al. 2021).

The species *Geotrichum candidum*, previously known as *Galactomyces candidum*, is a fungus with great phytopathological importance. Some species are important post-harvest plant pathogens of fruits and vegetables that cause economic losses in agriculture worldwide, due to the occurrence of sour rot in stored fruits and vegetables. These fungi infect fruits and vegetables through injuries caused by insects or mechanical wounds mainly in the storage stage (Agrios, 2005).

According to the study Kim et al. (2022), root rot in sweet potatoes treated with soil containing *F. solani* and *F. oxysporum* before the storage period was investigated, and the difference in the incidences of root rot of sweet potato among three fields with similar storage conditions was confirmed. These results suggest that the characteristics of the cultivation soil are important for the incidence of root rot of sweet potato.

Material and methods

Between the years of 2017–2019, in a sampling of a study of Mello et al. (2021) in 2017 and of a study in progress (sampling in 2019, de Mello et al., in prep.), sweet potato tuberous roots with post-harvest rot were collected in private and public markets located in the municipalities of Olinda and Igarassu in Pernambuco. The samples were sent to Laboratório de Micologia Ambiental of Departamento de Micologia of Universidade Federal de Pernambuco. Indirect isolation of the fungi was carried out following the methodology used by de Mello et al. (2021). For morphological identification, the cultures were incubated in PDA at 25°C for seven days in the dark. Microscope slides were made in lactoglycerol and thirty measurements of fungi structures were performed for species identification.

DNA extraction of the fungi isolates was performed following the methodology used by de Mello et al. (2021). The primers ITS5 (White et al. 1990) and LR6 (Vilgalys & Hester 1990) were used to amplify

the rDNA-ITS region and the D1/D2 domain of the large subunit rRNA gene. Following cycling according to the work of Paes et al. (2022) the PCR products were purified and sequenced. For phylogenetic analysis, consensus sequences were compared and aligned according to the GenBank database using the BLASTn program. Bayesian Inference (BI) analysis was performed applying the Markov Monte Carlo chain method (MCMC), being concluded with Mr. Bayes v.3.1.1 (Ronquist and Huelsenbeck 2003) on the CIPRES portal (Miller et al. 2010) with 10,000,000 generations. The HKY + G nucleotide substitution model was generated for the LSU region, being estimated with the Akaike Information Criterion (AIC).

The pathogenicity test was performed following the methodology described by Holmes & Clark (2022). Sterile toothpicks were dragged through pure cultures of three *G. candidum* isolates and inserted (1.5 cm deep) into the midsection of sweet potato roots (cv. canadense). The roots were submerged in sterile distilled water and incubated at room temperature for 5 days. Five roots were used per treatment. For the control, the toothpicks were scraped in sterile PDA.

Results

Several root samples showed soft necrotic lesions and the presence of white mycelium under the lesions presenting a strong odor. Six isolates of *Geotrichum* were obtained from tuberous roots samples (three isolates from Olinda and three from Igarassu) in different years and one isolate, obtained from one sample of sweet potato stem rot, collected in municipality of Aliança, Pernambuco, in 2019 of another study in progress (de Mello et al., in prep.), was included in the analyses.

The phylogenetic tree obtained by Bayesian inference of LSU gene region showed that the DNA sequences of seven isolates (GenBank Acc. Nos. ON753543 to ON753549) grouped in a clade with *Geotrichum candidum* sequences (Fig. 1) obtained from previous studies and with *Geotrichum candidum* CBS 178.71 (ex-type) (Acc. No JN974262.1). In the morphological analyses, the isolates showed abundantly white, dry and powdery mycelium. The hyphae measuring 2.5–5.5 µm, with early disarticulation into abundant, hyaline cubic arthroconidia measuring 5.0–12.5 × 2.5–5 µm (Fig. 2). The morphological characteristics were similar to those described for *G. candidum* (Carmichael, 1957) confirming the identification. Three representative isolates (URM 8539, URM 8540 and URM 8541) were deposited in the culture collection “Micoteca URM Profa. Maria Auxiliadora Cavalcanti” at the Universidade Federal de Pernambuco (Recife, Brazil). In the pathogenicity test, cross section of roots was performed, the diseased tissue around the wound was darkened and soft with slightly sunken lesions (Fig. 3). None of the roots used for control showed signs of deterioration. The fungi were reisolated from tissues with rot symptoms, confirming Koch's postulates.

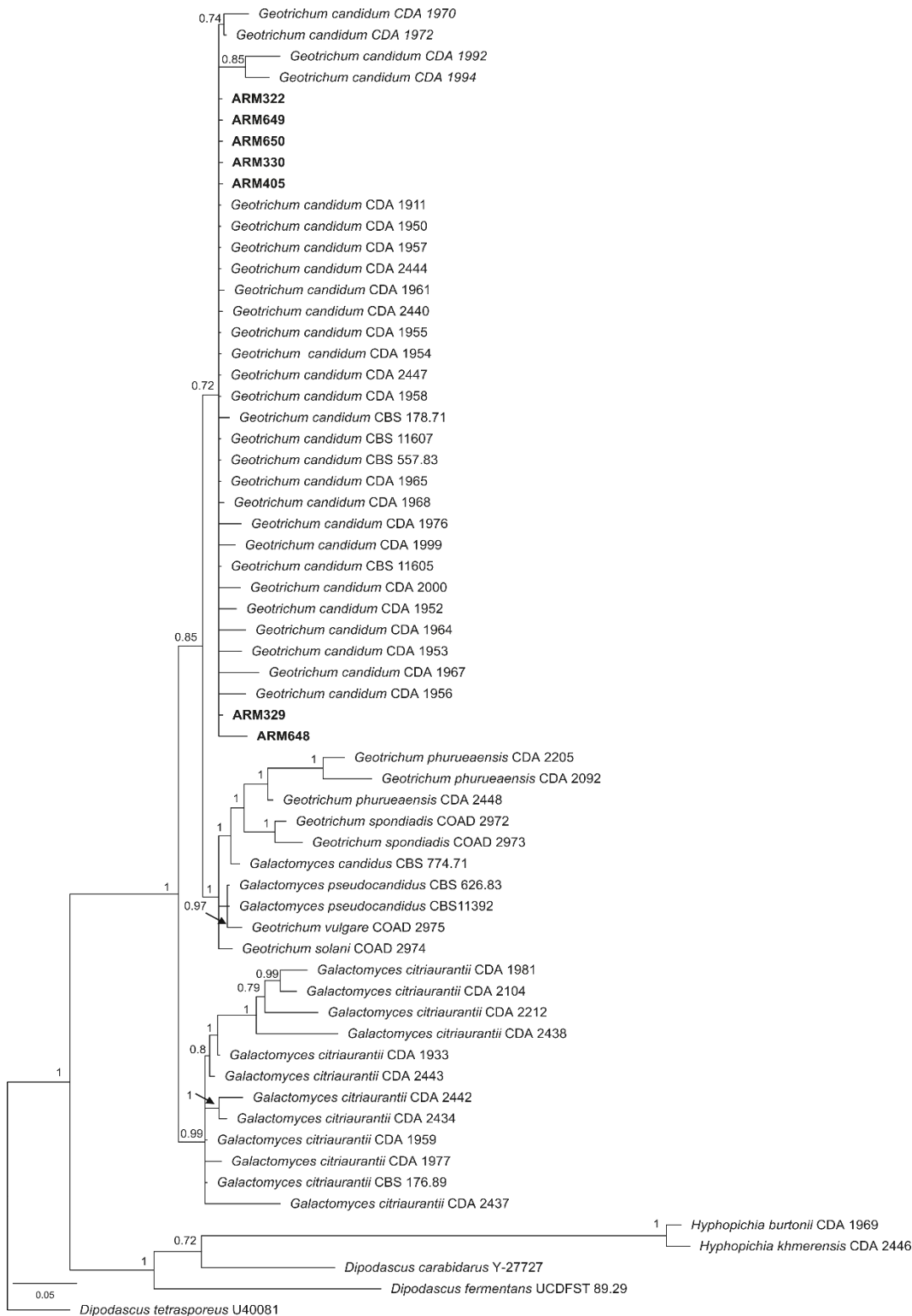


Fig. 1 Phylogenetic tree inferred from Bayesian analysis based on nucleotide sequences of the D1/D2 region in the 26S rRNA genes for *Geotrichum* species. The posterior probabilities are indicated above the nodes. The tree was rooted to *Dipodascus tetrasporeus* U40081. The species obtained in this study are highlighted in bold.

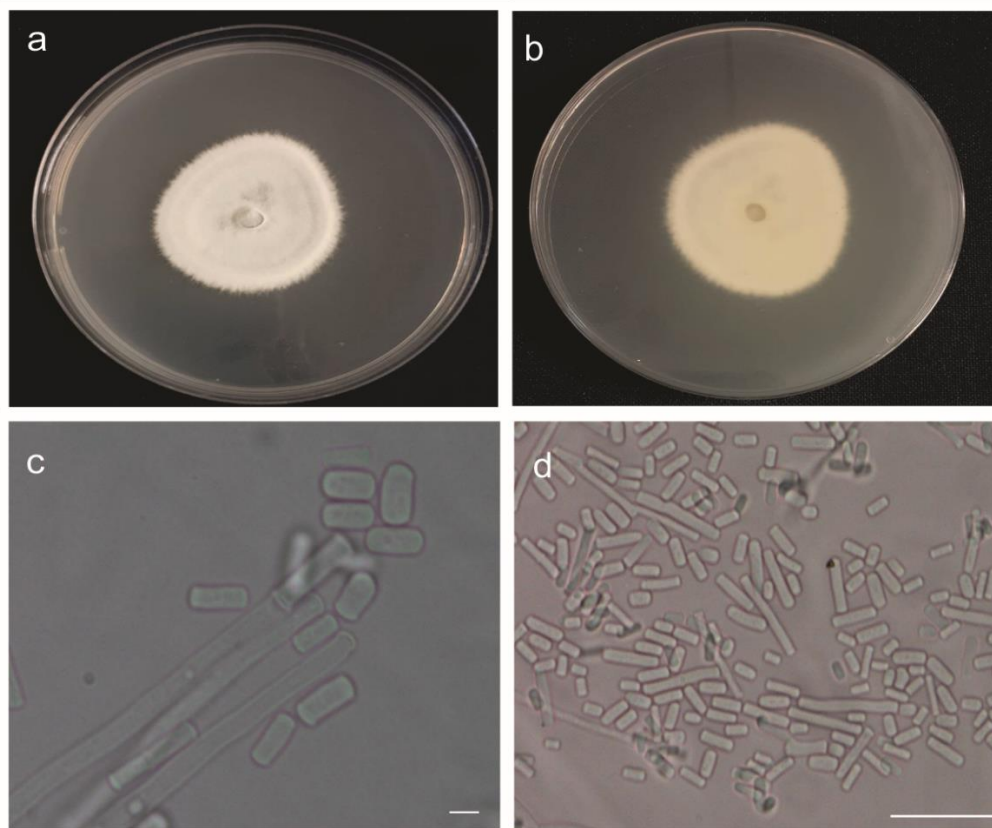


Fig. 2 Morphological aspects of the species *Geotrichum candidum* on potato dextrose agar (PDA) a Colony on PDA with seven days of growth; b reverse colony on potato dextrose agar; c conidia and hyphae on PDA; d conidia and hyphae on PDA; Scale bars: c = 10 µm and d = 50 µm.

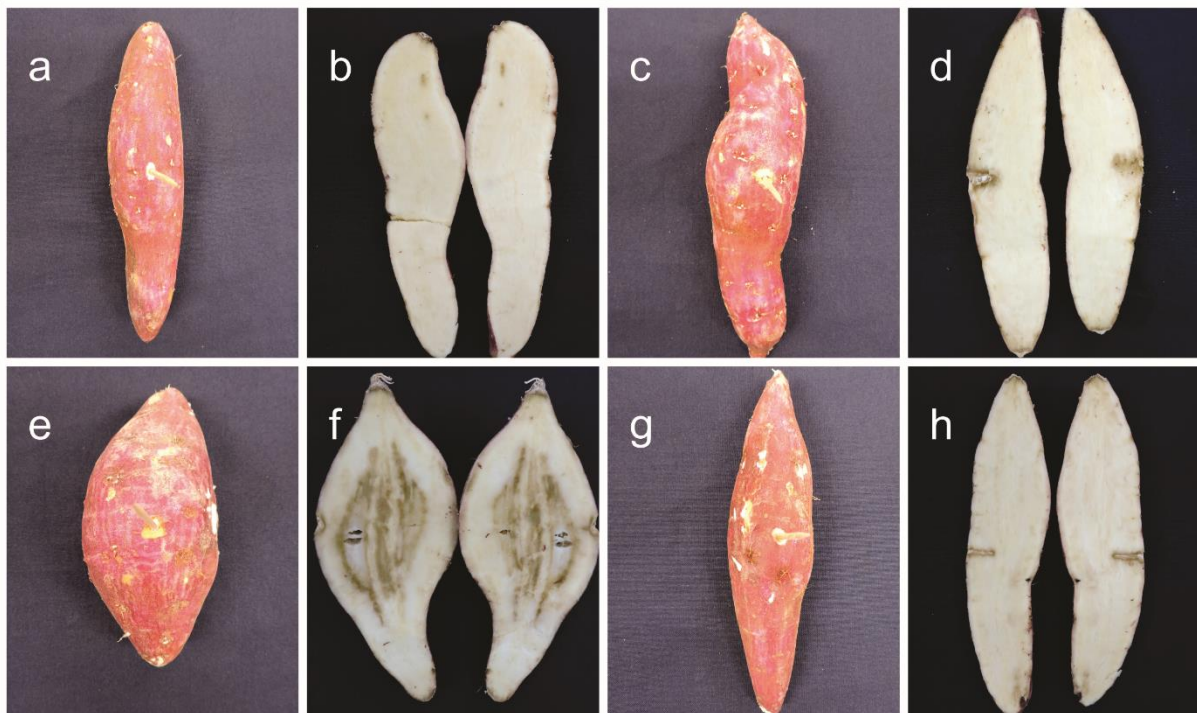


Fig. 3 Pathogenicity test of *Geotrichum candidum* in tuberous roots of sweet potato. Negative control tuberous roots without symptoms (a-b), Tuberous roots with diseased tissue around the wound darkened and soft with slightly sunken lesions 5 days after inoculations with *Geotrichum candidum* isolate ARM 329 (URM 8539) (c-d); *G. candidum* isolate ARM 648 (URM 8541) (e-f) and *G. candidum* isolate ARM 650 (URM 8540) (g-h).

Discussion

The present work provides information about the morphology, phylogeny and pathogenicity of isolates belonging to the species *Geotrichum candidum* associated with sweet potato sour rot in Brazil. Similar to what happens with several species of fungi the taxonomy of *Geotrichum* species based on morphology presents limitations mainly due to the existence of cryptic species that have morphological characters that overlap, making it difficult to correctly identify these species using only the morphological aspects in the identification (Hoog & Smith 2004).

Given this context, carrying out a polyphasic approach combining morphological aspects and molecular tools is essential for the correct identification of these species. As also showed by Paes et al. (2022) in the present work the analyses of the D1/D2 domain of large subunit rRNA gene revealed that it provided a good resolution to discriminate the *Geotrichum* species, being considered a good marker for identification of species of this fungus.

The methodology used to carry out the pathogenicity test highlights by Holmes e Clark (2002) suggest the importance of an environment with low oxygenation and high humidity for the reproduction of some of symptoms caused by *G. candidum* in sweet potato in the field, having knowledge that souring of sweet potato this is not an isolated factor, but the result of a complex of factors like the pathogenic effects of *G. candidum* in the environment (Holmes & Clark 2002).

The specie *Geotrichum candidum* was recently reported in Brazil causing sour rot in Melon (*Cucumis melo*) (Halfeld-Vieira et al. 2020) and Tomato (*Solanum lycopersicum*) (Paes et al. 2022). In Brazil, sour rot is an important post-harvest disease on fruits and vegetables, the identification of these fungi is the basic strategy for the prevention and control of the disease. To our knowledge, this is the first report of *G. candidum* causing post-harvest sweet potato sour rot in Brazil.

Publisher's Note

Springer Nature remains neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.

Acknowledgements

This study was financed by Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (FACEPE-APQ-1090-5.01/21) and it is part of the results of the Doctorate's research project of the first author. Juliana F. de Mello thank the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for provide the scholarship. Alexandre R. Machado and Cristina M. Souza-Motta also acknowledge the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for the research fellowship. We are grateful to Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Pró-Reitoria de Pesquisa e Inovação da Universidade Federal de Pernambuco (PROPESQI-UFPE) for financial support, and Micoteca URM of the Universidade Federal de Pernambuco for the assistance in the execution of this study.

Declarations

Conflict of interest

The authors declare that they have no conflict of interest.

Informed consent

All authors reviewed the manuscript and approved its submission to the Journal of Plant Diseases and Protection.

References

Agrios GN (2005) Plant pathology, 5th edn. Academic Press, New York

Carmichael JW (1957) *Geotrichum candidum*. Mycologia 49(6):820–830. <https://doi.org/10.1080/00275514.1957.12024694>

de Mello JF, Brito AC, Vieira JC, Câmara MP, Michereff SJ, de Souza-Motta CM, Machado AR (2021) Identification and pathogenicity of Botryosphaeriaceae species associated with root and stem rot of sweet potato in Brazil. Plant Pathol 70(7):1601–1615. <https://doi.org/10.1111/ppa.13395>

Halfeld-Vieira BDA, Terao D, Nechet KDL (2020) First Report of *Geotrichum candidum* Causing Sour-Rot of Melon in Brazil. Plant Dis 104(5):1537–1537. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2484-PDN>

Holmes GJ, Clark CA (2002) First report of *Geotrichum candidum* as pathogen of sweetpotato storage roots from flooded fields in North Carolina and Louisiana. Plant Dis 86(6):695–695. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.6.695C>

Hoog GS, Smith MT (2004) Ribosomal gene phylogeny and species delimitation in *Geotrichum* and its teleomorphs. Stud Mycol 50:489–515. https://eproofing.springer.com/ePj/printpage_jnls/cTjEa3xG8ZxNzPqzY8ySWhxi781-MiepykYs1wzTzhJ5FynFZ0NfuzHp4G7D4ClzqBGMiTGQNFrVwAvj0AOBAZKHZvToMluFqKP6TNx51GEO2vDhYwDkjWlsQ5_Tbn... 5/5

Michereff SJ, Andrade DEGT, Peruch LAM, & Menezes M. (2005) Importância dos patógenos e das doenças radiculares em solos tropicais. In: Michereff, S.J., Andrade, D.E.G.T. and Menezes, M. (Eds) Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais—Recife:UFRPE, Imprensa Universitária, pp 1–18

Miller MA, Pfeiffer W. & Schwartz T. (2010) Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees In: Proceedings of the gateway computing environments workshop (GCE), 14 Nov. 2010, New Orleans, LA pp 1–8

Paes SA, Rosado AWC, Reis A, Pereira OL (2022) Molecular phylogeny and morphological characterization of the aetiological agent of sour rot on fruits and vegetables in Brazil. Plant Pathol 71(2):386–399. <https://doi.org/10.1111/ppa.13473>

Pio-Ribeiro G, Mariano RLR, Pereira Carvalho RC, Souza EB & Melo Filho PA (2016) Doenças da Batata-Doce. In: Kimati, H, Amorim, L, Rezende, JAM, Bergamin Filho, A. and Camargo, L.E.A. (Eds). Manual de Fitopatologia Vol 2: Doenças das Plantas Cultivadas. São Paulo: Ed. Ceres, ed.5, pp 149–157

- Queiroga RCFD, Santos MAD, Menezes MAD, Vieira CPG, Silva MDC (2007) Fisiologia e produção de cultivares de batata-doce em função da época de colheita. *Hortic Bras* 25(3):371–374. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362007000300010>
- Ronquist F, Huelsenbeck JP (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19(12):1572–1574. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180>
- Sujung K et al (2022) Incidence rates of root rot in sweetpotato caused by cultivation soil and soil microorganisms during storage periods. *Front Plant Sci.* <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.897590>
- Vilgalys R, Hester M (1990) Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *J Bacteriol* 172:4238–4246. <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ (eds) *PCR protocols: a guide to methods and applications*. Academic Press, San Diego, CA, USA, pp 315–322