



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE
PERNAMBUCO**

PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
FITOPATOLOGIA**

Dissertação de Mestrado

**Elucidação da identidade, patogenicidade e agressividade
de isolados fúngicos fusarioides causando podridão em
frutos de tomate**

Rodrigo Albuquerque Lôbo

**Recife – PE
2024**

RODRIGO ALBUQUERQUE LÔBO

**ELUCIDAÇÃO DA IDENTIDADE, PATOGENICIDADE E AGRESSIVIDADE DE
ISOLADOS FÚNGICOS FUSARIOIDES CAUSANDO PODRIDÃO EM FRUTOS DE
TOMATE**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Fitopatologia

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:

Orientador: Prof. Dr. André Angelo Medeiros Gomes (UFRPE)

Coorientador: Prof. Dr. Humberson Rocha Silva (UFRPE)

Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Elineide Barbosa de Souza (UFRPE)

**RECIFE – PE
FEVEREIRO- 2024**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

L799e

Lôbo, Rodrigo Albuquerque

Elucidação da identidade, patogenicidade e agressividade de isolados fúngicos fusarioides causando podridão em frutos de tomate / Rodrigo Albuquerque Lôbo. - 2024.

71 f.

Orientador: Andre Angelo Medeiros .

Coorientador: Humberson Rocha .

Inclui referências e apêndice(s).

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia, Recife, 2024.

1. Solanum lycopersicum. 2. Fusarium. 3. Neocosmospora. 4. pós-colheita. 5. podridão em tomates. I. , Andre Angelo Medeiros, orient. II. , Humberson Rocha, coorient. III. Título

CDD 632

**ELUCIDAÇÃO DA IDENTIDADE, PATOGENICIDADE E AGRESSIVIDADE DE
ISOLADOS FÚNGICOS FUSARIOIDES CAUSANDO PODRIDÃO EM FRUTOS DE
TOMATE**

RODRIGO ALBUQUERQUE LÔBO

Dissertação defendida e aprovada pela Banca Examinadora em 26/02/2024.

ORIENTADOR:

Prof. Dr. André Angelo Medeiros Gomes (UFRPE)

EXAMINADORES:

Prof. Dr. Ailton Reis (UFRPE)

Prof. Dr. Maruzanete Pereira de Melo (UFPI)

**RECIFE - PE
FEVEREIRO**

À família e amigos, cujo apoio é tão forte quanto o Hylian Shield e o amor é tão brilhante quanto a Master Sword.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a minha família por todo apoio.

Ao Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia (PPGF) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) pela oportunidade de cursar um Mestrado.

Ao Professor Dr. André Gomes, pelas orientações, paciência e puxadas de orelha.

Agradeço a todos os professores e professoras do PPGF por todo compartilhamento de conhecimento e vivências.

Agradeço a todos os colegas do Laboratório de Patologia Pós-Colheita por todas as risadas diárias, desesperos compartilhados, ajuda pra completar o dinheiro o R.U e auxílio nas atividades, até mesmo na lavagem de uma simples placa. Suzi, Erasmo, Jardenia e Geisa, muito obrigado!

Aos meus amigos “de verdade” e “virtuais” por todo apoio e ombro amigo. Eu sabia que poderia contar com vocês em qualquer momento.

Agradeço em especial ao apoio dos meus amigos Rayhonay e Erasmo, que me auxiliaram muito na produção da minha dissertação e, se deu tudo certo, uma parte disso é graças a vocês.

Aos meus amigos do Discord, conhecidos como 'Carambeijos', que decidiram mudar para um nome com o qual eu não concordei, muito obrigado pela companhia diária, especialmente durante as nossas noites e madrugadas, me ouvindo reclamar do calor todos os dias e falar sobre minhas novas paixões platônicas.

Expresso aqui a minha sincera gratidão a todos que, de certa forma, contribuíram para que tudo neste projeto desse certo.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	VII
GENERAL ABSTRACT	VIII
CAPÍTULO 1	9
REVISÃO DE LITERATURA	10
1. A cultura do Tomate	10
2. Podridões em frutos de Tomate	12
2.1 Manejo das doenças do tomateiro	14
3. O Gênero <i>Fusarium</i>	15
3.1 Complexo de Espécies <i>Fusarium chlamydosporum</i> – FCSC	17
3.2 Complexo de Espécies <i>Fusarium oxysporum</i> – FOSC	17
3.3 Complexo de Espécies <i>Fusarium incarnatum-equiseti</i> – FIESC	18
3.4 O Gênero <i>Neocosmospora</i> e o Complexo de Espécies <i>Fusarium Solani</i> - FSSC	19
REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS	21
CAPÍTULO 2	27
RESUMO	29
ABSTRACT	30
1. INTRODUÇÃO	31
2. MATERIAL E MÉTODOS	32
2.1 Coleta, isolamento e preservação	32
2.2 Identificação dos isolados	33
2.2.1 Caracterização morfológica	33
2.2.2 Caracterização molecular	33
2.3 Teste de patogenicidade e agressividade	35
3. RESULTADOS	36
3.1 Isolamento e caracterização morfológica	36
3.2 Identificação molecular dos isolados	37
3.3 Teste de patogenicidade e agressividade	39
4. DISCUSSÃO	39
5. REFERÊNCIAS	43
6. APÊNDICE	47
CAPÍTULO 3	70
CONCLUSÕES GERAIS	71

RESUMO GERAL

A cultura do tomate (*Solanum lycopersicum* L.), pertencente à família Solanaceae e gênero *Solanum*, desempenha um papel crucial na agricultura global, sendo uma das hortaliças mais amplamente cultivadas. As podridões em frutos de tomates, causadas por espécies dos gêneros *Fusarium* e *Neocosmospora*, representam uma crescente preocupação para a produção e comercialização desses frutos em diversas regiões. Este estudo teve como objetivo identificar as espécies de fungos fusarioides responsáveis por sintomas de podridões pós-colheita em frutos de tomate, nos estados de Pernambuco e Goiás. Foram obtidos 25 isolados fúngicos, associados a sintomas de podridão em frutos de tomate, sendo 12 de Pernambuco (Recife - 9 isolados e Igarassu - 3 isolados) e 13 de vários municípios de Goiás (Morrinhos - 3 isolados, Catalão - 2 isolados, Silvânia - 4 isolados e Luziânia - 4 isolados). A caracterização morfológica dos 25 isolados revelou que todos pertenciam aos gêneros *Fusarium* ou *Neocosmospora*. No teste de patogenicidade, todos os 25 isolados foram patogênicos, evidenciando sua capacidade de causar danos em frutos de tomate. No teste de patogenicidade, ao analisar o tratamento com ferimento, alguns isolados destacaram-se por sua maior agressividade, apresentando variação significativa nas lesões após seis dias da inoculação, enquanto apenas 1 único isolado mostrou-se menos agressivo nesse tratamento. No tratamento sem ferimento, alguns isolados não foram patogênicos. A identificação molecular dos isolados envolveu a extração de DNA, amplificação e sequenciamento das regiões *TEF1* e *RPB2*. O BLAST revelou a filiação dos isolados a diferentes complexos de espécies, como *Fusarium chlamydosporum*, *Fusarium incarnatum-equiseti*, *Fusarium oxysporum* e o gênero *Neocosmospora*. Análises filogenética por inferência bayesiana permitiu a identificação específica das espécies. Dentre as cinco espécies de *Fusarium* identificadas, *F. spinosum* (FCSC), *F. caatingaense*, *F. sulawesiense*, *F. Compactum* (FIESC), e *F. languescens* (FOSC) foram registradas. No gênero *Neocosmospora*, 2 isolados foram identificados como *N. falciformis*, e *N. solani*. Os resultados destacam uma diversidade genética significativa, evidenciando a complexidade taxonômica dentro do gênero *Fusarium*. Essas informações contribuem para estratégias de manejo mais eficazes, permitindo uma abordagem direcionada para redução das perdas em pós-colheita associadas a esses fitopatógenos em tomate.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, *Fusarium*, *Neocosmospora*, podridão em tomates, patogenicidade, análise molecular, diversidade genética, pós-colheita.

GENERAL ABSTRACT

The tomato culture (*Solanum lycopersicum* L.), belonging to the Solanaceae family and the *Solanum* genus, plays a crucial role in global agriculture, being one of the most widely cultivated vegetables. Tomato fruit rots, caused by species of the *Fusarium* and *Neocosmospora* genera, represent a growing concern for the production and commercialization of these fruits in various regions. This study aimed to identify the *Fusarium*-like species responsible for postharvest rots in tomato fruits. Twenty-five isolates were obtained, 12 from Pernambuco (Recife - 9 isolates and Igarassu - 3 isolates) and 13 from various municipalities in Goiás (Morrinhos - 3 isolates, Catalão - 2 isolates, Silvânia - 4 isolates, and Luziânia - 4 isolates). Morphological characterization of the 25 isolates revealed that all belonged to the *Fusarium* or *Neocosmospora* genera. In the pathogenicity test, all 25 isolates proved to be pathogenic, evidencing their ability to cause damage to tomatoes. When analyzing the intentionally wounded treatment, some isolates stood out for their higher aggressiveness, showing significant variation in lesions after six days of inoculation, while only 1 isolate showed less aggressiveness in this treatment. In the treatment without intentional injury, some isolates were not pathogenic. Molecular identification of the isolates involved DNA extraction, amplification, and sequencing of the *TEF1* and *RPB2* regions. BLAST revealed the affiliation of the isolates to different species complexes, such as *Fusarium chlamydosporum*, *Fusarium incarnatum-equiseti*, *Fusarium oxysporum*, and the *Neocosmospora* genus. Phylogenetic analyses by Bayesian inference allowed specific identification of the species. Among the five *Fusarium* species identified, *F. spinosum* from FCSC, *F. caatingaense*, *F. sulawesiense*, *F. compactum* from FIESC, and *F. languescens* from FOOSC were recorded. In the *Neocosmospora* genus, 2 isolates were identified as *N. falciformis* and *N. solani*. The results highlight significant genetic diversity, evidencing taxonomic complexity within the *Fusarium* genus. This information contributes to more effective management strategies, allowing a more targeted approach to reducing postharvest losses associated with these phytopathogens in tomato.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, *Fusarium*, *Neocosmospora*, tomato rot, pathogenicity, molecular analysis, genetic diversity, post-harvest.

CAPÍTULO I

Introdução Geral

ELUCIDAÇÃO DA IDENTIDADE, PATOGENICIDADE E AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS FÚNGICOS FUSARIOIDES CAUSANDO PODRIDÃO EM FRUTOS DE TOMATE

REVISÃO DE LITERATURA

1. A cultura do Tomate

Pertencente à família Solanaceae, o tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma hortaliça tipo fruto originário da América do sul (Equador, peru e chile) (RICK, 1982). Entretanto, o cultivo de tomateiro ganhou proporção mundial, sendo cultivado nos mais diferentes climas e regiões. Se destacando na culinária mundial, o fruto de tomate é muito apreciado pelo seu sabor, seja in natura ou processado e é uma das hortaliças mais consumidas no mundo inteiro (ALVARENGA, 2004).

Inicialmente, o tomate foi erroneamente considerado como venenoso, mas sua aceitação e introdução na alimentação humana foi possibilitada pela influência dos mexicanos. Com a colonização europeia na região de origem do tomate, os europeus transportaram essa cultura para o seu continente. Entre os anos de 1523 e 1554, os espanhóis introduziram a planta como elemento ornamental (FILGUEIRA, 2013). A introdução da cultura no Brasil também se deu pelos colonizadores europeus, no final do século XIX (ALVARENGA, 2004).

A planta do tomate é uma espécie herbácea e perene, embora, do ponto de vista comercial, comporte-se como anual. Apresenta hábitos de crescimento tanto determinado quanto indeterminado, sendo este último uma característica predominante nos tomates de mesa (FILGUEIRA, 2013). Os frutos são do tipo baga, caracterizados por uma consistência carnosa, e apresentam uma variabilidade de cores que abrange tons de amarelo e vermelho (NAIKA et al., 2006). No contexto brasileiro, os tipos varietais do tomate são classificados em dois seguimentos, sendo eles o tomate para indústria, com hábito de crescimento determinado, e o tomate de mesa para consumo in natura, sendo dividido em quatro grandes grupos; santa cruz, salada, cereja, italiano (FILGUEIRA, 2008; TEIXEIRA, 2022).

Sobre a classificação científica da cultura, em 1753, Carolus Linnaeus classificou o tomate no gênero *Solanum*, designando-o como *Solanum lycopersicum* L., na qual, em latim, "lyco" significa "lobo" e "persicum" refere-se a "pêssego" (LINNAEUS, 1753). Entretanto, em

1754, Philip Miller tomou a iniciativa de reclassificá-lo em um novo gênero, *Lycopersicon*, juntamente com várias outras espécies. O tomate foi então nomeado *Lycopersicon esculentum* Mill., sendo "*esculentum*" uma alusão à sua comestibilidade (MILLER, 1754). Naquela época, muitos acreditavam que o fruto do tomate era venenoso; assim, é possível que Miller tenha introduzido a nova nomenclatura para enfatizar sua aptidão para o consumo humano. No entanto, é importante observar que esse nome, *Lycopersicon esculentum*, entra em conflito com o Código Internacional de Nomenclatura Botânica (CINB), onde tecnicamente deveria ter sido utilizado a classificação *Lycopersicon lycopersicum*. Apesar dessa discordância, o termo *Lycopersicon esculentum* foi amplamente adotado e perdurou até tempos recentes (KIMURA & SINHA, 2008).

Dentre os maiores produtores de tomate no mundo, que desempenham um papel fundamental no abastecimento global dessa hortaliça, a China, Índia e Turquia representam os maiores produtores e destacam-se por uma parcela significativa da produção mundial de tomates. O Brasil é o 8º maior produtor mundial e se destaca como um dos principais produtores da América Latina (FAOSAT, 2022). No cenário brasileiro, alguns estados sobressaem, com destaque para Goiás, líder na produção de tomate, totalizando 993.452 toneladas em 2022. Em seguida, São Paulo, Minas Gerais e Bahia. Apesar de Goiás liderar em termos de volume de produção, é relevante observar que São Paulo apresenta um valor de produção substancialmente superior, atingindo 2.408.371 milhões de reais, em comparação aos 937.006 mil reais do estado de Goiás (IBGE, 2022).

Diversas doenças podem afetar a produção de tomate. Entre as principais doenças que afetam a cultura do tomate estão a murcha de *Fusarium* e *Verticillium*, podridões bacterianas, como a podridão-mole e a podridão de rhizopus, além de outras doenças como antracnose e rizoctoniose. Essas doenças comprometem a qualidade dos frutos, reduzindo seu valor de mercado e impactando negativamente na indústria e no consumo (LOPES & DE ÁVILA, 2021).

As doenças pós-colheita em frutos, como o tomate, são causadas por uma variedade de microrganismos, incluindo fungos, vírus e bactérias. Essas infecções frequentemente ocorrem durante o cultivo, colheita, transporte e armazenamento, resultando em perdas econômicas tanto no campo quanto no mercado. A intensidade dessas doenças depende da sanidade dos frutos, que por sua vez é afetada pelas condições ambientais durante a produção. As perdas são exacerbadas pela falta de cuidado na colheita, transporte e manuseio, além do contato dos frutos com o solo contaminado (ARAH et al., 2015; LOPES, 2021).

2. Podridões em frutos de tomate

As perdas após a colheita de produtos hortifrutícolas resultam de diversos fatores, como perdas fisiológicas, microbiológicas, físicas e mecânicas. Destaca-se que as perdas originadas por microrganismos patogênicos desempenham um papel crucial nesse contexto. Essas perdas podem ser quantitativas, caracterizadas pela deterioração significativa dos tecidos, ou qualitativas, indicando pequenas lesões, porém, impactando negativamente o aspecto visual do produto. Esse comprometimento estético pode resultar na não comercialização ou na diminuição do valor econômico do produto (GOMES, 1996; CHITARRA & CHITARRA, 2005).

Além disso, é importante considerar o tomate, sendo um produto hortifrutícola suscetível a diversas formas de podridões, enfrenta desafios específicos. As perdas pós-colheita associadas a bactérias, fungos e outros patógenos vegetais são desafios a um manejo eficaz para garantir qualidade e durabilidade dos tomates durante o armazenamento, transporte e comercialização (MAHOVIC et al., 2004).

As podridões em frutos de tomate, predominantemente causadas por bactérias e fungos, são fatores adicionais que contribuem para as perdas pós-colheita. Embora patógenos como vírus e nematoides também possam estar envolvidos, sua influência não provoca uma deterioração progressiva dos tomates durante o armazenamento. Diversas espécies de fungos, como *Geotrichum candidum*, responsável pela podridão ácida, *Rhizopus stolonifer*, causador da podridão de Rhizopus, e *Phytophthora* spp., associado à podridão olho de veado, bem como *Alternaria arborescens* e espécies de *Fusarium*, contribuem para a decomposição dos frutos de tomate (MAHOVIC et al., 2004).

À medida que os frutos amadurecem, ocorrem alterações fisiológicas e estruturais que tornam os tecidos mais propensos a serem atacados por doenças. A diminuição da firmeza da polpa durante o processo de amadurecimento torna os frutos mais suscetíveis a lesões mecânicas, as quais representam as principais vias de entrada para patógenos após a colheita (LOPES & DE ÁVILA, 2005).

A podridão azeda em frutos de tomate é ocasionada pelo *Geotrichum candidum*, sendo considerada uma das formas de deterioração mais intrincadas e desagradáveis (THOMIDIS et al., 2021). A doença afeta os frutos do tomate através de ferimentos, especialmente os frutos maduros que são sensíveis a infecção e colonização. Em frutos maduros, a área afetada torna-se aquosa, enquanto em frutos verdes, permanece relativamente com o tecido firme. Quando a epiderme é rompida, ocorre a liberação de líquido com a presença de inóculo do patógeno,

podendo contaminar os outros frutos. Em condições de alta temperatura e umidade, forma-se um mofo superficial compacto, geralmente de cor branca ou creme (LOPES & DE ÁVILA, 2021). Recentemente, esse fitopatógeno já foi identificado em diversos países, incluindo o Brasil, causando doenças em várias culturas de importância agrônômica. (PAES et al., 2022).

Podridão por *Rhizopus* ou podridão-de-rizopus é uma forma de podridão causada pela espécie *Rhizopus stolonifer*. Este patógeno se desenvolve principalmente em condições úmidas e altas temperaturas, induzindo à formação de lesões moles e crescimento micelial do patógeno de coloração branca a cinza sobre a superfície dos frutos de tomate. O processo de apodrecimento é rápido e resulta em um aspecto aquoso, o que a distingue de outras formas de podridão. O crescimento rápido e a transmissão facilitada pelo manuseio e ferimentos nos frutos podem resultar em perdas econômicas substanciais durante a fase pós-colheita. Quando observado, os frutos afetados devem ser prontamente removidos das instalações de processamento e as caixas devem ser regularmente higienizadas, (BADAWY & RABEA, 2009; LOPES & DE ÁVILA, 2021).

Algumas espécies do gênero *Phytophthora* são responsáveis pela podridão olho de veado, caracterizada por manchas escuras e cancro com formação de anéis concêntricos. A lesão é firme, circular e inicialmente de cor verde, evoluindo para tonalidades marrons. Essa podridão pode ocorrer antes e após a colheita, pode afetar frutos inicialmente assintomáticos, mas contaminados superficialmente. Essa podridão é favorecida por condições úmidas e solos mal drenados (SHERBAKOFF, 1917; GUPTA, 2022; LOPES & DE ÁVILA, 2021).

Podridão de *Alternaria*, conhecida como mofo preto ou podridão preta, atribuída aos fungos *A. arborescens* e *A. alternata*, resulta na formação de manchas escuras e enrugadas na superfície dos frutos. Essa doença é caracterizada por lesões circulares necróticas e deprimidas com a presença de micélio cinza escuro, podendo resultar na completa deterioração dos frutos. Essa forma de deterioração pode manifestar-se tanto no campo quanto durante o armazenamento pós-colheita (BOSQUEIRO, 2021). Geralmente, as podridões de *Alternaria* estão associadas a diversos fungos, como *Fusarium* spp. e *Corynespora cassicola* (LOPES & DE ÁVILA, 2021).

A podridão de *Rhizoctonia*, causada pelo fungo *Rhizoctonia solani*, é uma doença que se desenvolve em condições de clima quente e úmido, podendo infectar frutos em qualquer estágio de maturação. Os danos principais ocorrem durante o processo de amadurecimento, especialmente em frutos próximos ou em contato com o solo. Essa podridão em frutos de tomate é mais comum em plantas prostradas e com vigor vegetativo excessivo, especialmente em cultivos para processamento industrial. Os frutos afetados apresentam inicialmente uma

podridão marrom, que se torna amolecida à medida que a doença avança e organismos secundários o atacam. Isso se deve à alta e constante umidade do solo mantida por essas condições de cultivo (LOPES & DE ÁVILA, 2021). A infecção tem início na superfície do fruto em contato com o solo, onde o patógeno está presente. Por essa razão, a incidência é mais prevalente em tomates destinados à indústria. As lesões manifestam-se como manchas marrons e, sob condições de alta umidade, surgem estruturas características do fungo (LEWIS et al., 1990; LOPES & DE ÁVILA, 2005). Para reduzir os riscos de doenças, é recomendado evitar solos mal drenados, planejar o plantio para evitar períodos chuvosos, escolher cultivares de tomateiro com porte mais ereto, evitar adubações excessivas com nitrogênio, reduzir a irrigação no final do ciclo e praticar a rotação de culturas, preferencialmente com gramíneas (LOPES & DE ÁVILA, 2021).

Diversas espécies de *Fusarium* podem causar podridões em frutos de tomate. Além disso, de acordo com Lopes & De Ávila (2021), espécies desse gênero também estão associadas a outras doenças na cultura, como a Murcha de Fusarium causada pelo *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici*. A podridão de *Fusarium* em frutos de tomate é frequentemente originada por diferentes fatores, conforme documentado por Denis (1983). Os sintomas dessa doença incluem podridões menos agressivas que se estendem até o centro da fruta. O tecido afetado geralmente apresenta saturação de água e é externamente coberto por micélio branco, amarelo ou rosado, enquanto o tecido infectado exibe descoloração e adquire uma tonalidade marrom clara (DENIS, 1983; TOMATO et al., 2013). A presença dessa doença resulta na depreciação do valor comercial dos frutos, uma vez que os consumidores optarão por frutos frescos e não manchados (NURULHUDA et al., 2009; TOMATO et al., 2013).

2.1 Manejo das doenças do tomateiro

No manejo fitossanitário do cultivo de frutos de tomate, é essencial implementar medidas eficazes para prevenir e controlar doenças, incluindo as podridões fúngicas causadas por múltiplos fungos patogênicos sob condições de armazenamento (WANI, 2011). Isso requer a adoção de estratégias baseadas em princípios científicos, como a aplicação preventiva de produtos fitossanitários registrados para mitigar os danos causados por esses patógenos. Estratégias adicionais, como a incorporação de matéria orgânica no solo, o plantio de mudas saudáveis e a utilização de cultivares resistentes, também contribuem para o manejo integrado de doenças fúngicas no cultivo de tomate. A rotação de culturas com plantas não hospedeiras e a

solarização do solo são práticas que visam reduzir a pressão de inóculo em áreas de cultivo. Ao adotar essas medidas de manejo de forma integrada e sistêmica, é possível promover a saúde das plantas e minimizar os danos causados por doenças no cultivo de tomate (STANDNIK & TALAMININ, 2004; LOPES & DE ÁVILA, 2021)

Segundo informações do AGROLINK (2024), atualmente existem 369 fungicidas registrados para uso na cultura do tomate, no entanto, apenas dois deles são registrados especificamente para o controle de doenças causadas por espécies do gênero *Fusarium* nesta cultura. É importante destacar que esses dois produtos não são destinados ao combate da podridão em frutos de tomate causada por esse gênero. Em outras palavras, não há produtos registrados para o tomate que sejam indicados especificamente ao controle da podridão em frutos causada por *Fusarium*.

3. O Gênero *Fusarium*

O gênero *Fusarium* (Hypocreales, Nectriaceae) foi inicialmente descrito em 1809 com base na produção de marcadores morfológicos como macroconídios. Contudo, pesquisas que utilizam caracterização morfológica e filogenéticas moleculares (GRÄFENHAN et al. 2011) revelaram que essa característica evoluiu de forma convergente em diferentes linhagens de ascomicetos, e que foi perdida pelo menos uma vez dentro do antigo, e não mais existente, complexo de espécies *F. solani*. Com isso, pesquisadores começaram a defender e aprovaram a classificação do complexo de espécies *F. solani* como o gênero *Neocosmospora* (DEAN et al., 2012; CROUS et al., 2021).

A taxonomia do gênero *Fusarium* tem sido objeto de debate entre os taxonomistas desde sua proposição por Link em 1809, sendo oficializado por Fries em 1821. Autores como Wollenweber e Reinking (1935) tentaram classificar o gênero com base em características como microconídios, clamidósporos e morfologia dos macroconídios. Além disso, o gênero *Fusarium* foi subdividido em diferentes complexos filogenéticos com base em métodos moleculares de identificação de espécies, como o *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex (FIESC) e o *Fusarium oxysporum* species complex (FOSC) (THOMAS et al. 2019).

Embora predominantemente habitantes do solo, os conídios de *Fusarium* podem ser dispersos pela água em respingos de chuva e por sistemas de irrigação. Quando secos, esses conídios tornam-se veículos de dispersão pelo ar a longas distâncias, contribuindo assim para sua disseminação global. Atuando como patógenos de plantas, esses fungos induzem podridão de raízes e caules, murcha vascular e/ou podridões em frutos de diversas espécies de culturas

economicamente relevantes (PERFECT et al., 2001). Essa atividade patogênica resulta em significativas perdas de rendimento (toneladas por hectare) e em prejuízos econômicos estimados em mais de US\$ 1 bilhão em culturas de importância agrônômica (NGANJE et al., 2004).

A identificação de espécies dentro do gênero *Fusarium* é composta por três conceitos distintos: morfológico, que se baseia na semelhança de características morfológicas observáveis, denominadas marcadores morfológicos; biológico, que se fundamenta na compatibilidade sexual entre membros da mesma espécie; e filogenético, que se apoia na análise de sequências de DNA. A abordagem mais amplamente adotada para diferenciar as espécies do gênero *Fusarium* consiste na combinação dos conceitos filogenético e morfológico (O'DONNELL, 2000). Para delimitação das espécies de *Fusarium* as Regiões Fator De Alongamento de Tradução 1- α (*TEF1*) e Segunda Maior Subunidade da RNA Polimerase II (*RPB2*) tem sido mais utilizadas, devido ao alto grau de polimorfismo presente em suas sequências e à ausência de cópias não-ortólogas (O'DONNELL et al., 2015). Porém banco de dados possuem outras sequências parciais de múltiplos genes que vêm sendo comumente usados para identificar táxons fusarioides como actina (*ACT1*), calmodulina (*CaM*), histona (*HIS3*), maior subunidade da RNA polymerase II (*RPB1*), beta-tubulina (*TUB2*), espaçador transcrito interno (ITS) e subunidade grande de rRNA (LSU), além das já citadas *RPB2* e *TEF1* (CROUS et al., 2021).

O gênero *Fusarium* é conhecido por abrigar espécies produtoras de micotoxinas, incluindo as fumonisinas e zearalenona. As fumonisinas são um grupo de metabólitos carcinogênicos produzidos por diversas espécies de *Fusarium*, como *F. verticillioides* e *F. proliferatum*. A fumonisina B1 (FB1) é uma das variantes mais comuns desses metabólitos e está associada a várias espécies de *Fusarium*. Sua presença em alimentos pode resultar da contaminação por *Fusarium* durante o crescimento das culturas. A acumulação de fumonisinas em produtos agrícolas está relacionada à gravidade da infecção fúngica. Essa micotoxina causa câncer, distúrbios neurológicos e problemas de desenvolvimento (DESJARDINS, 2006; ARUMUGAM et al., 2021). Além disso, outro metabólito importante produzido por espécies de *Fusarium* é a zearalenona (ZEA), um estrogênio sintético com atividade hormonal. A ZEA pode contaminar uma variedade de alimentos e, quando ingerida, pode ter efeitos adversos na saúde, incluindo distúrbios hormonais e impactos na reprodução animal (RAI; DAS; TRIPATHI, 2020).

O gênero *Fusarium* destaca-se como um dos grupos de fungos de maior importância econômica global, sendo extensivamente pesquisado (DEAN et al., 2012), principalmente pela

sua destrutiva e produção de micotoxinas (AOKI et al., 2014). Compreendendo pelo menos 300 espécies filogeneticamente distintas, foram identificados até o momento 20 complexos de espécies (CROUS et al., 2021).

3.1 Complexo de Espécies *Fusarium chlamydosporum* – FCSC

Fusarium chlamydosporum species complex (FCSC) foi descrito por O'donnell et al. (2009) com base em análises das regiões gênicas *TEF1*, *RPB2*, *LSU* e *CaM*. Os isolados do FCSC apresentam características de crescimento rápido em BDA, apresentando micélio aéreo abundante e ramificado, com coloração variando de esbranquiçada a roseada ou amarronzada, além de exibir microconídios e clamidósporos em grande quantidade (NELSON et al., 1983; O'DONNELL et al., 2009).

Fusarium chlamydosporum é uma espécie de fungo de grande interesse tanto na agricultura quanto na medicina devido à sua capacidade fitopatogênica e patogênica. As espécies se destacam pelas suas peculiaridades em formar esporodóquios, clamidósporos e conídios, além de apresentar pigmentação em diferentes meios de cultura. Encontrada frequentemente em solos e em materiais vegetais afetados por doenças, *F. chlamydosporum* também está associada a casos de fusarioses em humanos e animais. Além disso, esse fungo é conhecido por produzir várias micotoxinas e metabólitos secundários (LOMBARD; VAN DOOM; CROUS, 2019).

Os isolados desse complexo são considerados saprófitas, mas já foram relatados como patogênicos em algumas culturas, tais como banana, milho, sorgo, lentilha e tomate (OLADIRAN; IWU, 1993; GOMES, 2017).

3.2 Complexo de Espécies *Fusarium oxysporum* – FOOSC

Isolados do complexo de espécie *Fusarium oxysporum* são encontrados frequentemente e classificados como o quinto entre os 10 principais grupos de fungos que afetam plantas (DEAN et al. 2012). As espécies desse complexo se desenvolvem no solo, incluem importantes agentes de doenças de plantas e animais (incluindo humanos) e isolados que, até o momento, não são relatados como patogênicos. Em um estudo recente de Lombard et al. (2019), são discutidos os diferentes sistemas usados para classificar espécies do FOOSC, destacando suas limitações.

O complexo de espécies *Fusarium oxysporum* contém principalmente fungos do solo distribuídos globalmente em uma ampla gama de ambientes, incluindo áreas cultivadas e não cultivadas em diversos climas. Este conjunto engloba tanto fitopatógenos quanto não patogênicos, sendo que os isolados fitopatogênicos são morfologicamente indistinguíveis dos isolados não patogênicos. *F. oxysporum* apresenta uma notável diversidade funcional e genética, refletindo na capacidade de afetar uma grande diversidade de hospedeiros vegetais, incluindo plantas dicotiledôneas e monocotiledôneas. As espécies patogênicas do complexo *F. oxysporum* causam sintomas como murcha ou podridão de raízes e caules em uma variedade de culturas agrícolas e ornamentais. A especialização do hospedeiro levou ao conceito de *formae speciales*, agrupando isolados que compartilham a mesma gama de hospedeiros. Essas *formae speciales* afetam uma diversidade de famílias de plantas, com sintomas predominantes de murcha. A diversidade inicialmente restrita de hospedeiros tem sido ampliada para incluir várias espécies de plantas e formas especiais (DEAN et al, 2012; EDEL-HERMANN; LECOMTE, 2019). Apesar de existir mais de 100 *formae speciales*, estudos mostram que evoluíram de forma independente e têm diferentes origens genéticas. Isso significa que não são todos descendentes de uma única linhagem ancestral, mas se desenvolveram separadamente. Além disso, Summerell (2019) afirma que a maneira como essas "*formae speciales*" foram identificados como fitopatogênicos nem sempre foi precisa. Às vezes, os cientistas atribuíam o status de "*formae speciales*" aos isolados de *F. oxysporum* reisolados de plantas doentes sem avaliar corretamente se esses isolados eram realmente os que causaram a doença (EDEL-HERMANN & LECOMTE, 2019).

As similaridades ecológicas entre os membros de *Neocosmospora* e *F. oxysporum* devem ser reconhecidas, conforme observado por Geiser et al. (2021). No entanto, esses dois grupos de espécies são morfologicamente distintos, mesmo em suas formas assexuadas. *Fusarium oxysporum* produz macroconídios com células apicais pontiagudas e microconídios a partir de filalides, que geralmente são 5 a 10 vezes mais curtos do que os de espécies de *Neocosmospora* (CROUS et al., 2021).

3.3 Complexo de Espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* – FIESC

O complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC) é um complexo filogeneticamente diversificado que engloba mais de 30 espécies, sendo consideradas crípticas e, com isso, a identificação com base apenas em características fenotípicas é desafiadora, pois

espécies produzem marcadores morfológicos semelhantes (VILLANI et al., 2016; XIA et al., 2019).

As características morfológicas de *Fusarium incarnatum-equiseti* compreendem a produção de macroconídios e microconídios, estruturas associadas ao processo de reprodução assexuada. Os macroconídios exibem células apicais agudamente pontiagudas. Adicionalmente, a espécie demonstra a capacidade de formar clamidósporos, estruturas especializadas que desempenham um papel significativo na resistência e sobrevivência. Este complexo compreende apenas um reduzido número de espécies formalmente descritas, as quais se caracterizam pela curvatura dorsiventral típica dos macroconídios e pela presença abundante de clamidósporos, podendo estes estar isolados, em cadeias ou aglomerados, com exceção de *F. scirpi*, que não apresenta formação de microconídios (BOOTH, 1971; LESLIE & SUMMERELL, 2006; WANG et al., 2019).

As espécies pertencentes a este complexo são relatadas como patógenos de uma grande variedade de hospedeiros, incluindo plantas, humanos, animais e insetos. Esses fungos podem causar uma série de doenças em plantas, como podridão de raízes, podridão de bulbos e doenças vasculares (O'DONNELL et al., 2009; CHANG et al., 2020; BALAMURUGAN et al., 2024).

3.4 O Gênero *Neocosmospora* e o Complexo de Espécies *Fusarium solani* - FSSC

Atualmente, há uma discussão sobre a nova classificação do complexo FSSC em um gênero próprio. De um lado, um grupo de pesquisadores dos Países Baixos propôs essa reclassificação (CROUS et al., 2021). No entanto, um ano antes, O'donnell et al. (2020) contestaram as justificativas propostas para essa reclassificação. Em seu trabalho, ele aborda quatro conclusões errôneas feitas por Sandoval-Denis & Crous relacionadas à descrição dos membros do complexo de espécies *Fusarium solani* (FSSC) como *Neocosmospora*.

A primeira conclusão errônea trata da circunscrição filogenética molecular de *Fusarium*, refutada com base em dados publicados que apoiam a monofilia do gênero. A segunda conclusão refere-se à segregação do FSSC como *Neocosmospora*, contestando que tal classificação não é mais natural, uma vez que *Fusarium*, incluindo o FSSC, é monofilético. A terceira conclusão alega evidências moleculares indicando que *Fusarium* e *Neocosmospora* não são congêneres, sendo contestada pela falta de qualquer publicação que sugira que *Neocosmospora* não esteja filogeneticamente dentro do *Fusarium*. A última conclusão aborda o apoio da comunidade de pesquisa ao conceito de *Fusarium* que inclui o FSSC, destacando que 66 cientistas de diversas disciplinas e países apoiam essa circunscrição. Em seu trabalho,

O'DONNELL et al., (2020) enfatiza a importância de manter a continuidade do uso do nome *Fusarium*, dada sua prioridade nomenclatural e amplo reconhecimento na literatura científica.

Por sua vez, Crous et al., (2021) abordam o conceito genérico de *Fusarium*, com um foco específico em *Neocosmospora*. No trabalho, eles relatam a existência de um grupo de espécies dentro de *Neocosmospora*, identificado morfológicamente por meio de formas sexuais e assexuais, com comportamento ecológico consistente e ausência de produção de micotoxinas. É ressaltado que esse gênero forma um conjunto monofilético, indicando uma relação ancestral comum e incluindo todos os seus descendentes.

Ainda, Crous et al., (2021) sugerem que o conceito de *Neocosmospora* representa uma calibração biologicamente significativa para o gênero, indicando que as características morfológicas, comportamentais e filogenéticas desse grupo são úteis para definir o gênero. No entanto, ele questiona a praticidade desse enfoque em relação à classificação taxonômica mais ampla, especialmente quando comparado a outras propostas para o gênero *Fusarium*.

Em relação aos caracteres morfológicos, Crous et al., (2021) ainda afirma que há diferença nos caracteres sexuais e que as formas assexuadas desses dois gêneros também apresentam distinções notáveis. Em *Neocosmospora* os macroconídios geralmente possuem paredes espessas, células apicais arredondadas, e frequentemente exibem células basais imperceptíveis em formato de pé. Os microconídios são produzidos em fiáldes bastante longas e estreitas. A morfologia dos isolados da grande maioria das espécies deste grupo é facilmente identificável, mesmo por meio de um microscópio estereoscópico.

Esse gênero demonstra uma diversidade notável de hospedeiros, tanto dentro das espécies pertencentes ao gênero quanto dentro de uma única espécie. Uma única espécie, como *N. pisi*, é descrita como patogênica para pelo menos 10 culturas diferentes, além de espécies descritas como patogênicas a humanos (COLEMAN, 2016).

A identificação precisa das espécies de *Fusarium* e *Neocosmospora* é de extrema importância devido à diversidade patogênica desses gêneros, que pode causar uma variedade de doenças em plantas, animais e humanos. Compreender quais espécies estão presentes em determinadas regiões e hospedeiros é essencial para o desenvolvimento de estratégias eficazes de manejo e controle de doenças. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi investigar as espécies patogênicas de *Fusarium* e *Neocosmospora* presentes em frutos de tomate, causando podridão, em duas regiões distintas do Brasil: Pernambuco e Goiás.

REFEÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGROLINK. Cultura Tomate, Classe Fungos. AGROLINKFITO. Disponível em <https://www.agrolink.com.br/agrolinkfito/busca-cultura-classe>. Acesso em 23 jan. 2024.
- ALVARENGA, M. A. R. Tomate: produção em campo, em casa de vegetação e em hidroponia. **Lavras: UFLA**, 2004, 400 p.
- AOKI, T.; O'DONNELL, K.; GEISER, D. M. Systematics of key phytopathogenic *Fusarium* species: current status and future challenges. **Journal of General Plant Pathology**, 80, 189–201. 2014
- ARUMUGAM, T.; GHAZI, T.; ABDUL, N. S.; CHUTURGOON, A. A. A review on the oxidative effects of the fusariotoxins: Fumonisin B1 and fusaric acid. **Toxicology**, 181-190. 2021.
- BADAWY, M. E.; RABEA, E. I. Potential of the biopolymer chitosan with different molecular weights to control postharvest gray mold of tomato fruit. **Postharvest Biology and Technology**, 51(1), 110-117. 2009
- BALAMURUGAN, A.; ASHAJYOTHI, M.; SHANU, K.; CHARISHMA, K.; VARUN, H.; GUNJEET, K.; KUMAR, A. Chrysanthemum wilt caused by *Fusarium incarnatum*: Etiology unveiled through polyphasic taxonomic methods. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, 129, 102214. 2024
- BOOTH, C. The genus *Fusarium*. **Commonwealth Mycological Institute**, Kew, Surrey, England. 1971
- BOSQUEIRO, A. S.; BIZARRIA JR, R.; ROSA-MAGRI, M. M. Biocontrol of post-harvest tomato rot caused by *Alternaria arborescens* using *Torulaspora indica*. **Biocontrol Science and Technology**, 33(2), 115-132. 2023
- CHANG, X.; YAN, L.; NAEEM, M.; KHASKHELI, M. I.; ZHANG, H.; GONG, G.; ZHANG, M.; SONG, C.; YANG, W.; LIU, T.; CHEN, W. the diversity of the pathogenic *Fusarium* species. **Pathogens**, 9(3), 211. 2020
- CHITARRA, M. I. F.; CHITARRA, A. B. Pós-colheita de frutos e hortaliças: fisiologia e manuseio. 2. ed. rev. amp. **Lavras: Universidade Federal de Lavras**, 2005. 783p.
- COLEMAN, J. J. The *Fusarium solani* species complex: ubiquitous pathogens of agricultural importance. **Molecular plant pathology**, 17(2), 146-158. 2016
- CROUS, P. W.; LOMBARD, L.; SANDOVAL-DENIS, M.; SEIFERT, K. A.; SCHROERS, H. J.; CHAVERRI, P.; GENÉ, J.; GUARRO, J.; HIROOKA, Y.; BENSCH, K.; KEMA, G. H. J.; LAMPRECHT, S. C.; CAI, L.; ROSSMAN, A. Y.; STADLER, M.; SUMMERBELL, R. C.; TAYLOR, J. W.; PLOCH, S.; VISAGIE, C. M.; YILMAZ, N.; FRISVAD, J. C.; ABDEL-AZEEM, A. M.; ABDOLLAHZADEH, J.; ABDOLRASOULI, A.; AKULOV, A.; ALBERTS, J. F.; ARAÚJO, J. P. M.; ARIYAWANSA, H. A.; BAKHSHI, M.; BENDIKSBY, M.; BEN HADJ AMOR, A.; BEZERRA, J. D. P.; BOEKHOUT; CÂMARA, M. P. S.; CARBIA, M.; CARDINALI, G.; CASTAÑEDA-RUIZ, R. F.; CELIS, A.; CHATURVEDI, V.; COLLEMARE,

J.; CROLL, D.; DAMM, U.; DECOCK, C. A.; DE VRIES, R. P.; EZEKIEL, C. N.; FAN, X. L.; FERNÁNDEZ, N. B.; GAYA, E.; GONZÁLEZ, C. D.; GRAMAJE, D.; GROENEWALD, J. Z.; GRUBE, M.; GUEVARA-SUAREZ, M.; GUPTA, V. K.; GUARNACCIA, V.; HADDAJI, A.; HAGEN, F.; HAELEWATERS, D.; HANSEN, K.; HASHIMOTO, A.; HERNÁNDEZ-RESTREPO, M.; HOUBRAKEN, J.; HUBKA, V.; HYDE, K. D.; ITURRIAGA, T.; JEEWON, R.; JOHNSTON, P. R.; JURJEVIĆ, Z.; KARALTI, Í.; KORSTEN, L.; KURAMAE, E. E.; KUŠAN, I.; LABUDA, R.; LAWRENCE, D. P.; LEE, H. B.; LECHAT, C.; LI, H. Y.; LITOVKA, Y. A.; MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; MARIN-FELIX, Y.; MATIO KEMKUIGNOU, B.; MATOČEC, N.; MCTAGGART, A. R.; MLČOCH, P.; MUGNAI, L.; NAKASHIMA, C.; NILSSON, R. H.; NOUMEUR, S. R.; PAVLOV, I. N.; PERALTA, M. P.; PHILLIPS, A. J. L.; PITT, J. I.; POLIZZI, G.; QUAEDVLIEG, W.; RAJESHKUMAR, K. C.; RESTREPO, S.; RHAJEM, A.; ROBERT, J.; ROBERT, V.; RODRIGUES, A. M.; SALGADO-SALAZAR, C.; SAMSON, R. A.; SANTOS, A. C. S.; SHIVAS, R. G.; SOUZA-MOTTA, C. M.; SUN, G. Y.; SWART, W. J.; SZOKE, S.; TAN, Y. P.; TAYLOR, J. E.; TAYLOR, P. W. J.; TIAGO, P. V.; VÁCZY, K. Z.; VAN DE WIELE, N.; VAN DER MERWE, N. A.; VERKLEY, G. J. M.; VIEIRA, W. A. S.; VIZZINI, A.; WEIR, B. S.; WIJAYAWARDENE, N. N.; XIA, J. W.; YÁÑNEZ-MORALES, M. J.; YURKOV, A.; ZAMORA, J. C.; ZARE, R.; ZHANG, C. L.; THINES, M. *Fusarium*: more than a node or a foot-shaped basal cell. **Studies in Mycology**, v. 98, n. 1, p. 1-184, 2021.

DEAN, R.; VAN KAN, J.A.L.; PRETORIUS, Z.A.; HAMMOND-KOSACK, K.E.; DI PIETRO, A.; PIETRO, D.S.; RUDD, J.J.; DICKMAN, M.; KAHMANN, R.; ELLIS, J.; FOSTER, G.D. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 13, n. 4, p. 414–430, 2012.

DENIS, C. Post-harvest Pathology of Fruits and Vegetables, Food Science and Technology, London, England: **A Series of Monographs, Academic Press Incorporation Limited**, 24-28 oval Road, NW17Dx. 1983

DESJARDINS, A. E. *Fusarium mycotoxins: chemistry, genetics, and biology*. **American Phytopathological Society**. 2006

EDEL-HERMANN, V.; LECOMTE, C. Current Status of *Fusarium oxysporum* Formae *Speciales* and Races. **Phytopathology**, 109(4), 512-530. 2019

FAOSTAT - FAOSTAT FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Disponível em <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em 16 de jan. de 2022.

FILGUEIRA, A. R. F. Novo Manual de Olericultura: agroecologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. rev. e ampl. **Viçosa: UVF**, 2013.

FILGUEIRA, A. R. F. Novo manual de Olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. Viçosa: **Editora UFV**. v. 1, 421p. 2008

GEISER, D. M.; AL-HATMI, A. M. S.; AOKI, T.; ARIE, T.; BALMAS, V.; BARNES, I.; BERGSTROM, G. C.; BHATTACHARYYA, M. K.; BLOMQUIST, C. L.; BOWDEN, R. L.; BRANKOVICS, B.; BROWN, D. W.; BURGESS, L. W.; BUSHLEY, K.; BUSMAN, M.; CANO-LIRA, J. F.; CARRILLO, J. D.; CHANG, H.; CHEN, C.; CHEN, W.; CHILVERS, M.; CHULZE, S.; COLEMAN, J. J.; CUOMO, C. A.; DE BEER, Z. W.; DE HOOG, G. S.; DEL CASTILLO-MUNERA, J.; DEL PONTE, E. M.; DIEGUEZ-URIBEONDO, J.; DI PIETRO, A.; EDEL-HERMANN, V.; ELMER, W. H.; EPSTEIN, L.; ESKALEN, A.; ESPOSTO, M. C.;

EVERTS, K. L.; FERNANDEZ-PAVÍA, S. P.; FERREIRA-DA-SILVA, G.; FOROUD, N. A.; FOURIE, G.; FRANDSEN, R. J. N.; FREEMAN, S.; FREITAG, M.; FRENKEL, O.; FULLER, K. K.; GAGKAEVA, T.; GARDINER, D. M.; GLENN, A. E.; GOLD, S. E.; GORDON, T. R.; GREGORY, N. F.; GRYZENHOUT, M.; GUARRO, J.; GUGINO, B. K.; GUTIERREZ, S.; HAMMOND-KOSACK, K. E.; HARRIS, L. J.; HOMA, M.; HONG, C.; HORNO, L.; HUANG, J.; ILKIT, M.; JACOBS, A.; JACOBS, K.; JIANG, C.; DEL MAR JIMENEZ-GASCO, M.; KANG, S.; KASSON, M. T.; KAZAN, K.; KENNEL, J. C.; KIM, H.; KISTLER, H. C.; KULDAU, G. A.; KULIK, T.; KURZAI, O.; LARABA, I.; LAURENCE, M. H.; LEE, T.; LEE, Y.; LEE, Y.; LESLIE, J. F.; LIEW, E. C. Y.; LOFTON, L. W.; LOGRIECO, A. F.; LOPEZ-BERGES, M. S.; LUQUE, A. G.; LYSOE, E.; MA, L.; MARRA, R. E.; MARTIN, F. N.; MAY, S. R.; MCCORMICK, S. P.; MCGEE, C.; MEIS, J. F.; MIGHELI, Q.; NOR, N. M. I. M.; MONOD, M.; MORETTI, A.; MOSTERT, D.; MULE, G.; MUNAUT, F.; MUNKVOLD, G. P.; NICHOLSON, P.; NUCCI, M.; O'DONNELL, K.; PASQUALI, M.; PFENNING, L. H.; PRIGITANO, A.; PROCTOR, R. H.; RANQUE, S.; REHNER, S. A.; REP, M.; RODRIGUEZ-ALVARADO, G.; ROSE, L. J.; ROTH, M. G.; RUIZ-ROLDAN, C.; SALEH, A. A.; SALLEH, B.; SANG, H.; SCANDIANI, M. M.; SCAUFLAIRE, J.; SCHMALE, D. G. III.; SHORT, D. P. G.; SISIC, A.; SMITH, J. A.; SMYTH, C. W.; SON, H.; SPAHR, E.; STA-JICH, J. E.; STEENKAMP, E.; STEINBERG, C.; SUBRAMANIAM, R.; SUGA, H.; SUMMERELL, B. A.; SUSCA, A.; SWETT, C. L.; TOOMAJIAN, C.; TORRES-CRUZ, T. J.; TORTORANO, A. M.; URBAN, M.; VAILLANCOURT, L. J.; VALLAD, G. E.; VAN DER LEE, T. A. J.; VANDERPOOL, D.; VANDIEPENINGEN, A. D.; VAUGHAN, M. M.; VENTER, E.; VERMEULEN, M.; VERWEIJ, P. E.; VILJOEN, A.; WAALWIJK, C.; WALLACE, E. C.; WALTHER, G.; WANG, J.; WARD, T. J.; WICKES, B. L.; WIEDERHOLD, N. P.; WINGFIELD, M. J.; WOOD, A. K. M.; XU, J.; YANG, X.; YLI-MATTILA, T.; YUN, S.; ZAKARIA, L.; ZHANG, H.; ZHANG, N.; ZHANG, S. X.; ZHANG, X. 2021. Phylogenomic analysis of a 55.1-kb 19-gene dataset resolves a monophyletic *Fusarium* that includes the *Fusarium solani* species complex. *Phytopathology*. 111 (7), pp. 1064-1079. 2021

GOMES, M. S. O. Conservação pós-colheita: frutas e hortaliças. Brasília: **Embrapa**. 130p. 1996

GRÄFENHAN, T.; SCHROERS, H. J.; NIRENBERG, H. I.; SEIFERT, K. A. An overview of the taxonomy, phylogeny, and typification of nectriaceous fungi in *Cosmospora*, *Acremonium*, *Fusarium*, *Stilbella*, and *Volutella*. **Studies in Mycology**, 68(1), 79-113. 2011

GUPTA, S. K.; SHARMA, M.; MUKHERJEE, S. Buckeye rot of tomato in India: Present status, challenges, and future research perspectives. **Plant Disease**, 106(4), 1085-1095. 2022

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Produção de Tomate. Disponível em <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/tomate/br>> Acesso em 15 jan, 2024

KIMURA, S.; SINHA, N. Tomato (*Solanum lycopersicum*): a model fruit-bearing crop. **Cold Spring Harbor Protocols**, v. 2008, n. 11, p. pdb. emo105, 2008.

LESLIE, J. F.; SUMMERELL, B. A.; The *Fusarium* laboratory manual. **Blackwell Publishing Professional**, 2121 State Avenue, Ames, Iowa 50014, USA. 2006

LEWIS, J. A.; BARKSDALE, T. H.; PAPAIVIZAS, G. C. Greenhouse and field studies on the biological control of tomato fruit rot caused by *Rhizoctonia solani*. **Crop protection**, v. 9, n. 1, p. 8-14, 1990.

- LINNAEUS, C. *Species plantarum*. Laurentius Salvius, Stockholm. 1753
- LOMBARD, L.; SANDOVAL-DENIS, M.; LAMPRECHT, S. C.; CROUS, P. W. Epitypification of *Fusarium oxysporum*—clearing the taxonomic chaos. **Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, 43(1), 1-47. 2019
- LOMBARD, L.; VAN DOORN, R.; CROUS, P. W. Neotypification of *Fusarium chlamydosporum*-a reappraisal of a clinically important species complex. **Fungal Systematics and Evolution**, 4(1), 183-200. 2019
- LOPES, C. A.; DE ÁVILA, A. C. Doenças do tomateiro. 3. ed. rev. e ampl. Brasília, DF: **EMBRAPA**, 2021.
- LOPES, C. A.; DE ÁVILA, A. C. Doenças do tomateiro. **EMBRAPA**. 2005
- MAHOVIC, M.; SARGENT, S. A.; BARTZ, J. A. Identifying and controlling postharvest tomato diseases in Florida. Florida: **Horticultural Sciences Department**, p. 1-11, 2004.
- MILLER, P. *The gardener's dictionary*. C. Rivington, London. 1754
- NAIKA, S.; DAM, B. V.; GOFFAU, M. D.; LIDTH DE JEUDE, J. V. A cultura do tomate: produção, processamento e comercialização. **Agrodok**. 2006
- NELSON, P. E.; TOUSSOUN, T. A.; MARASAS. W. F. O. *Fusarium* Species: An Illustrated Manual for identification, Pennsylvania State University. **University Park**. 1983
- NGANJE, W.E.; BANGSUND, D.A.; LEISTRITZ, F.L.; WILSON, W.W.; TIAPO, N.M. Regional Economic Impacts of *Fusarium* Head Blight in Wheat and Barley. **Appl. Econ. Perspect. Policy** 2004, 26, 332–347.
- NURULHUDA, M. S.; LATIFFAH, Z.; BAHARUDDIN, S.; MAZIAH, Z. Diversity of *Fusarium* species from vegetable fruits. **Journal Malaysian Applied Biology**, 38(1), 43-47. 2009
- O'DONNELL, K. Molecular phylogeny of the *Nectria haematococca-Fusarium solani* species complex. **Mycologia, Lawrence**, v. 92, n. 5, p. 919-938, 2000.
- O'DONNELL, K.; AL-HATMI, A. M. S.; AOKI, T.; BRANKOVICS, B.; CANO-LIRA, J. F.; COLEMAN, J. J.; HOOG, G. S.; PIETRO, A. D.; FRANDSEN, R. J. N.; GEISER, D. M.; GIBAS, C. F. C.; GUARRO, J.; KIM, H. S.; KISTLER, H. C.; LARABA, I.; LESLIE, J. F.; LÓPEZ-BERGES, M. S.; LYSØE, E.; MEIS, J. F.; MONOD, M.; PROCTOR, R. H.; REP, M.; RUIZ-ROLDÁN, C.; ŠIŠIĆ, A.; STAJICH, J. E.; STEENKAMP, E. T.; SUMMERELL, B. A.; LEE, T. A. J.; DIEPENINGEN, A. D.; VERWEIJ, P. E.; WAALWIJK, C.; WARD, T. J.; WICKES, B. L.; WIEDERHOLD, N. P.; WINGFIELD, M. J.; ZHANG, N.; ZHANG, S. X. No to *Neocosmospora*: phylogenomic and practical reasons for continued inclusion of the *Fusarium solani* species complex in the genus *Fusarium*. **Mosphere**, v. 5, p. 1-7, 2020.
- O'DONNELL, K.; WARD, T. J.; ROBERT, V. A. R. G.; CROUS, P. W.; GEISER, D. M.; KANG, S. DNA sequence-based identification of *Fusarium*: current status and future directions. **Phytoparasitica** v. 43. p. 583–595, 2015
- O'DONNELL, K.; SUTTON, D. A.; RINALDI, M. G.; GUEIDAN, C.; CROUS, P. W.; GEISER, D. M. Novel multilocus sequence typing scheme reveals high genetic diversity of human pathogenic members of the *Fusarium incarnatum-F. equiseti* and *F. chlamydosporum*

species complexes within the United States. **Journal of Clinical Microbiology**, 47(12), 3851-3861. 2009

OLADIRAN, A. O.; IWU, L. N. Studies on the fungi associated with tomato fruit rots and effects of environment on storage. **Mycopathologia**, v. 121, p. 157-161, 1993.

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

PERFECT, S. E.; GREEN, J. R. Infection structures of biotrophic and hemibiotrophic fungal plant pathogens. **Molecular plant pathology**, v. 2, n. 2, p. 101-108, 2001.

RAI, A.; DAS, M.; TRIPATHI, A. Occurrence and toxicity of a *Fusarium* mycotoxin, zearalenone. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, 60(16), 2710-2729. 2020

RICK, C.M. The potential of exotic germplasm for tomato improvement. In: VASIL, I. K.; SCOWCROFT, W. R.; FREY, H. J.(Eds.) **Plant improvement and somatic cell genetics**. New York: Acad. Press, p.478-495, 1982.

SHERBAKOFF, C. D. Buckeye rot of tomato fruit. **Phytopathology**, 7(2), 119-129. 1917

SUMMERELL, B. A. Resolving *Fusarium*: Current status of the genus. **Annual review of phytopathology**, 57, 323-339. 2019

TADNIK, M. J.; TALAMINI, V. (ed.). **Manejo ecológico de doenças de plantas. Florianópolis**, CCA/UFSC. 293 p. 2004

TEIXEIRA, F. M. V. TOMATE. **Embrapa**. 2022

THOMAS, B.; AUDONNEAU, N. C.; MACHOUART, M.; DEBOURGOGNE, A. Molecular identification of *Fusarium* species complexes: which gene and which database to choose in clinical practice?. **Journal de mycologie medicale**, 29(1), 56-58. 2019

THOMIDIS, T.; PRODROMO, I.; FARMAKIS, A.; ZAMBOUNIS, A. Effect of temperature on the growth of *Geotrichum candidum* and chemical control of sour rot on tomatoes. **Tropical plant pathology**, 46, 545-552. 2021

TOMATO, L. T. R. B.; BAKAR, A. A.; IZZATI, M. N. A.; UMI KALSOM, Y. Diversity of *Fusarium* species associated with post-harvest fruit rot disease of tomato. **Sains Malaysiana**, 42(7), 911-920. 2013

VILLANI, A.; MORETTI, A.; DE SAEGER, S.; HAN, Z.; DI MAVUNGU, J. D.; SOARES, C M. G.; PROCTOR, R. H.; VENÂNCIO, A.; LIMA, N.; STEA, G.; PACIOLLA, C.; LOGRIECO, A. F.; SUSCA, A. A polyphasic approach for characterization of a collection of cereal isolates of the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex. International. **Journal of Food Microbiology**, 234, 24-35.2016

WANG, M. M.; CHEN, Q.; DIAO, Y. Z.; DUAN, W. J.; CAI, L. *Fusarium incarnatum-equiseti* complex from China. **Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, 43(1), 70-89. 2019

WANI, A. H. An overview of the fungal rot of tomato. **Mycopath**, 9(1), 33-38. 2011

WOLLENWEBER, H. W; REINKING, O. A. **Die Fusarien, ihre beschreibung: schadwirkung und bekämpfung**, p 355. 1935

XIA, J. W., SANDOVAL-DENIS, M., CROUS, P. W., ZHANG, X. G., LOMBARD, L. Numbers to names-restyling the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex. **Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, 43(1), 186-221. 2019

CAPÍTULO II

Elucidación da identidade, patogenicidade e agressividade de isolados fúngicos fusarioides causando podridão em frutos de tomate

Elucidação da identidade, patogenicidade e agressividade de isolados fúngicos fusarioides causando podridão em frutos de tomate

R. A. Lôbo.¹, S. Y. da S. Cavalcante¹, E. R. PAZ FILHO¹, A. Reis², A. A. M. Gomes¹

¹Departamento de agronomia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, 50670-901 Recife, Pernambuco, Brasil

²Embrapa Hortaliças, 70275-970 Brasília, Distrito Federal, Brasil

[†]Autor Correspondente: André Angelo Medeiros Gomes – e-mail: andreangelomg@gmail.com

RESUMO

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.), parte integrante da família Solanaceae, destaca-se como uma cultura essencial na agricultura global, ocupando uma posição de destaque entre as hortaliças cultivadas. Com o propósito de identificar as espécies de fungos fusarioides associados aos sintomas de deterioração em frutos de tomate, este estudo coletou 25 isolados, sendo 12 provenientes de Pernambuco, distribuídos entre Recife (9 isolados) e Igarassu (3 isolados), e os 13 restantes originados de diferentes municípios do estado de Goiás, como Morrinhos (3 isolados), Catalão (2 isolados), Silvânia (4 isolados) e Luziânia (4 isolados). A análise morfológica desses isolados revelou que eles pertenciam aos gêneros *Fusarium* ou *Neocosmospora*. Ao submetê-los ao teste de patogenicidade, todos os 25 isolados demonstraram ser patogênicos, evidenciando sua capacidade de causar danos em frutos de tomates. Contudo, ao avaliar o tratamento com microfermentos deliberados, destacaram-se alguns isolados, como LPPC 282, LPPC 252, LPPC 268, LPPC 169, LPPC 185 e LPPC 187, por exibirem uma agressividade superior, apresentando uma variação significativa nas lesões após seis dias da inoculação. Por outro lado, o isolado LPPC 270 demonstrou ser menos agressivo nesse contexto. A identificação molecular dos isolados envolveu a extração, amplificação e sequenciamento do DNA das regiões *TEF1* e *RPB2*. Os resultados do BLAST indicaram a associação dos isolados a diversos complexos de espécies, incluindo *Fusarium chlamydosporum*, *Fusarium incarnatum-equiseti*, *Fusarium oxysporum* e o gênero *Neocosmospora*. A análise filogenética por inferência bayesiana permitiu a identificação das espécies. Entre as cinco espécies de *Fusarium* identificadas, destacam-se *F. spinosum* do FCSC, *F. caatingaense*, *F. sulawesiense* e *F. compactum* (FIESC), além de *F. languescens* (FOSC). No que tange ao gênero *Neocosmospora*, o isolado LPPC 168 foi identificado como *N. falciformis*, enquanto o LPPC 269 foi identificado como *N. solani*. Apenas com a região *TEF1* e *RPB2* não foi suficiente para fazer a distinção de espécies no complexo de espécies *Fusarium oxysporum*. Os resultados evidenciam uma notável diversidade genética, sublinhando a complexidade taxonômica do gênero *Fusarium*.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, fusarioides, patogenicidade, agressividade, análise filogenética, *Fusarium*, *Neocosmospora*, pós-colheita

ABSTRACT

The tomato (*Solanum lycopersicum* L.), an integral part of the Solanaceae family, stands out as an essential crop in global agriculture, holding a prominent position among cultivated vegetables. With the aim of identifying *Fusarium*-like species associated with symptoms of tomato fruit rot, this study collected 25 isolates, with 12 from Pernambuco, distributed between Recife (9 isolates) and Igarassu (3 isolates), and 13 from different municipalities of the state of Goiás, such as Morrinhos (3 isolates), Catalão (2 isolates), Silvânia (4 isolates), and Luziânia (4 isolates). Morphological analysis of these isolates revealed they belonged to the genera *Fusarium* or *Neocosmospora*. When subjected to pathogenicity testing, all 25 isolates demonstrated pathogenicity, evidencing their ability to cause tomato fruit rot. However, when evaluating treatment with deliberate micro-wounding, certain isolates stood out, such as LPPC 282, LPPC 252, LPPC 268, LPPC 169, LPPC 185, and LPPC 187, for exhibiting superior aggressiveness, showing significant variation in lesions after six days of inoculation. On the other hand, isolate LPPC 270 demonstrated less aggressiveness in this context. Molecular identification of the isolates involved extraction, amplification, and sequencing of DNA from the *TEF1* and *RPB2* regions. The BLAST results indicated that the isolates were associated with various species complexes, including *Fusarium chlamydosporum*, *Fusarium incarnatum-equiseti*, *Fusarium oxysporum*, and the genus *Neocosmospora*. Phylogenetic analysis by Bayesian inference allowed species identification. Among the five identified *Fusarium* species, noteworthy are *F. spinosum* from FCSC, *F. caatingaense*, *F. sulawesiense*, and *F. compactum* (FIESC), as well as *F. languescens* (FOSC). Regarding the genus *Neocosmospora*, isolate LPPC 168 was identified as *N. falciformis*, while LPPC 269 was identified as *N. solani*. Only with the *TEF1* and *RPB2* regions was it not sufficient to distinguish species in the *Fusarium oxysporum* species complex. The results highlight remarkable genetic diversity, emphasizing the taxonomic complexity of the *Fusarium* genus.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, *Fusarium*-like, pathogenicity, aggressiveness, phylogenetic analysis, *Fusarium*, *Neocosmospora*, post-harvest

1. INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum*), é uma das hortaliças mais amplamente cultivadas e consumidas globalmente (GRANDILLO et al., 1999). Cultivado para o consumo humano, o tomate também é utilizado na indústria de processamento de alimentos para a produção de molhos, conservas, sucos e outros produtos alimentícios. O comércio internacional de tomate movimentava bilhões de dólares anualmente e desempenha um papel importante na economia global (FAOSAT, 2022).

Os tomates e seus derivados, que oferecem uma variedade de nutrientes essenciais para a saúde humana, são conhecidos por serem ricos em licopeno, um carotenoide reconhecido por suas propriedades antioxidantes (ARAH et al., 2015). Além disso, há uma ampla diversidade de tomates ao redor do mundo, desde os tradicionais, com epiderme vermelha, até os verdes e roxos, variando em forma e tamanho, incluindo redondos, oblongos, achatados, minitomates, entre outros (CONAB, 2019).

O tomate é uma cultura de grande importância econômica em muitos países ao redor do mundo. Os maiores produtores globais de tomate, como China, Índia e Turquia, desempenham um papel crucial no fornecimento mundial desta hortaliça, sendo produzido em mais de 150 países. O Brasil é o 8º maior produtor mundial, destacando-se na América Latina. Em termos nacionais, Goiás lidera a produção de tomate, com 993.452 toneladas em 2022, seguido por São Paulo, Minas Gerais e Bahia. Embora Goiás lidere em volume de produção, São Paulo apresenta um valor de produção substancialmente superior, atingindo 2.408.371 milhões de reais, em comparação aos 937.006 mil reais de Goiás (FAOSAT, 2022; IBGE, 2022).

No Brasil, o tipo mais comercializado de tomate para consumo in natura é o Salada Longa Vida, seguido pelo Italiano e os minitomates (cereja). Goiás se destaca pelo cultivo do tomate industrial, responsável por cerca de 60% da produção nacional de atomatados, enquanto São Paulo se destaca pelo cultivo de tomate para consumo in natura (HORTIFRUTI BRASIL, 2023).

Nas áreas onde o cultivo de hortaliças é realizado de forma intensiva, quando não há controle e precaução, as doenças podem reduzir em até 100% a produção (PEREIRA; PINHEIRO; DE CARVALHO, 2013). As doenças pós-colheita em frutos, como o tomate, são causadas por diversos microrganismos, incluindo fungos, vírus e bactérias, resultando em perdas econômicas significativas durante o cultivo, colheita, transporte e armazenamento (LOPES, 2021). A intensidade dessas doenças é influenciada pela sanidade dos frutos, que é afetada pelas condições ambientais durante a produção (LOPES, 2021). Portanto, os tomateiros

enfrentam desafios específicos devido à susceptibilidade a várias doenças, acrescentando complexidade ao manejo eficaz para garantir a qualidade e durabilidade dos tomates durante o armazenamento, transporte e comercialização (MAHOVIC et al., 2004).

As podridões nos frutos de tomate, em grande parte atribuídas à ação de bactérias e fungos, são um fator adicional que contribui para as perdas pós-colheita. Entre os diversos fungos envolvidos, destacam-se espécies dos gêneros *Geotrichum*, *Rhizopus*, *Phytophthora*, *Alternaria* e *Fusarium* (MAHOVIC et al., 2004; LOPES, 2021). Apesar de se conhecer que há uma diversidade de fungos que provocam podridões em frutos de tomate, ainda há pouca informação sobre as espécies de *Fusarium* associadas a esses sintomas no Brasil.

O gênero *Fusarium*, predominantemente do solo, causa podridões em raízes, murcha vascular e podridões em frutos, resultando em perdas econômicas substanciais (USDA, 2024). Além disso, algumas espécies produzem micotoxinas, como fumonisinas e zearalenona, representando riscos à saúde humana e animal (DESJARDINS, 2006; ARUMUGAM et al., 2021). O gênero *Fusarium* é amplamente estudado devido à sua importância econômica por causar doenças em áreas de produção no mundo inteiro (ARAÚJO et al., 2021).

Considerando a relevância da cultura do tomate e as preocupações crescentes associadas às podridões em seus frutos, ocasionadas por espécies dos gêneros *Fusarium* e *Neocosmospora*, este estudo visou identificar isolados fúngicos com características fusarioides associados a sintomas de podridão em frutos de tomate no Brasil, assim como testar a patogenicidade e agressividade destes isolados.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Coleta, isolamento e preservação

Durante o período de janeiro a agosto de 2023, frutos de tomate com sintomas de podridão seca e a presença de micélio fúngico sobre as lesões, foram coletados em campos de produção, centrais de abastecimento, feiras livres e mercados nas cidades de Recife (PE), Igarassu (PE), Luziânia (GO), Morrinhos (GO), Silvânia (GO) e Catalão (GO) (Figura 1).

As amostras foram embaladas em sacos plásticos e transportadas para o Laboratório de Patologia Pós-Colheita da UFRPE - LPPC/UFRPE. No laboratório, os sintomas foram caracterizados e os frutos foram depositados em caixas plástica e submetidos a câmara úmida por um período de 24 horas a $24\pm 2^{\circ}\text{C}$, para o isolamento direto (ALFENAS et al., 2007) de fungos associados às lesões. Com auxílio de estilete esterilizados, fragmentos de micélio foram

removidos das lesões e transferidos para placas de Petri contendo o meio de cultura Batata Dextrose Ágar (BDA).

Os isolados obtidos foram submetidos a um processo de purificação das colônias utilizando a técnica de repicagem de ponta de hifa, conforme descrito por Sanhueza e Melo (2007). Para tanto, os isolados foram transferidos para o meio de cultivo Ágar Água e incubados a 24°C, em ausência de luz. Esse procedimento foi realizado com o auxílio de um microscópio estereoscópico com luz transmitida e uma lâmina previamente esterilizada e flambada em lamparina para efetuar o corte no meio de cultura, concentrando-se exclusivamente na ponta da hifa previamente selecionada. Após 24 horas, fragmentos da ponta de hifa foram delicadamente removidos com o auxílio de uma alça (ou lâmina previamente esterilizada) e depositados em placas de Petri contendo o meio de cultivo BDA. A fração do meio contendo apenas a ponta da hifa foi transferida para outra placa de Petri contendo BDA para dar origem a outra colônia totalmente pura, e cultivada por sete dias.

Os isolados foram preservados de acordo com a técnica descrita em Castellani (1939) depositados na Coleção de Culturas do Laboratório de Patologia Pós-colheita da UFRPE.

2.2 Identificação dos isolados

2.2.1 Caracterização morfológica

Os isolados foram identificados a nível de gênero através de comparações de suas características morfológicas com auxílio de chaves dicotômicas. Marcadores morfológicos como: forma, tamanho e número de septos de conídios, presença e ausência de clamidósporo, tipo de células conidiogênicas foram observadas e mensuradas a partir de preparações microscópicas de colônias cultivadas em SNA (Synthetic Nutrient-poor Agar) durante 14 dias, à 24°C, com fotoperíodo controlado de 12 horas.

2.2.2 Caracterização molecular

Extração de DNA

Para a extração do DNA dos isolados, foi utilizado o Wizard® Genomic DNA Purification Kit. Os isolados foram cultivados em meio de cultura BDA por cinco dias. Fragmentos de micélio foram coletados, com o auxílio de um palito de madeira esterilizado, e

depositados em microcubos de 2 mL. Em seguida, adicionou-se 300µL de Nuclei Lysis Solution, as amostras foram congeladas e maceradas manualmente com o auxílio de um pistilo.

Posteriormente, as amostras foram incubadas a 65°C por 15 minutos em banho seco, seguido pela adição de 100 µL de Protein Precipitation Solution e vortex em alta velocidade por 10 segundos. As amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 14.000 rpm o que resultou na formação de um precipitado (pellet) composto por componentes celulares e proteínas. Do sobrenadante (solução contendo o DNA), foram removidos 350 µL, evitando contaminantes, e transferidos para um microtubo de 1,5 ml, contendo 600 µL de isopropanol resfriado. A solução foi cuidadosamente misturada por aproximadamente 2 minutos invertendo os tubos lentamente e, em seguida, incubada no freezer por 20 minutos. Após esse período, as amostras foram centrifugadas a 14.000 rpm por 5 minutos. Nessa etapa, foi formado o pellet de DNA e o sobrenadante foi descartado. Para eliminação de resíduos de reagentes e reidratação inicial do DNA, adicionaram-se 600 µL de etanol 70% resfriado, invertendo os tubos várias vezes por, no mínimo, 2 minutos, seguido de centrifugação a 14.000 rpm por 5 minutos. Removido o etanol, os tubos foram posicionados horizontalmente com a tampa aberta sobre papel toalha para secagem do pellet. Após 30 minutos, foi adicionado 50 µL de DNA Rehydration Solution para ressuspender o pellet e reidratar o DNA. A solução foi misturada, invertendo os tubos várias vezes, e as amostras foram incubadas a 65°C por 1 hora no banho seco. Após a reidratação, 3 µL de RNA Solution (RNAase) foram adicionados e a solução foi misturada no vortex por 5 segundos. Seguiu-se a incubação a 37°C por 15 minutos. Por fim, as amostras foram armazenadas em freezer a -20°C.

Amplificação, Eletroforese e Sequenciamento de DNA

As amostras de DNA, após o processo de extração e purificação, foram submetidas à reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando primers específicos para as regiões “translation elongation factor 1-alpha” (*TEF1*) e “RNA polymerase second largest subunit” (*RPB2*). Para a região *TEF1*, os primers utilizados foi a sequência do Prime EF1T (ATGGGTAAGGAGGACAAGAC) e EF2T (GGAAGTACCAGTGATCATGTT). Para a região *RPB2*, os primers utilizados foi a sequência do prime RPB2-5Fb (GAYGAYCGTGATCACTTYGG) e RPB2-7Rb (CCCATRGCYTGYTTTRCCCAT) (O’DONNELL et al., 2008; FOURIE et al. 2015).

Para a PCR, as condições estabelecidas foram: Uma etapa de desnaturação inicial a 95°C por 3 minutos. Em seguida, foram realizados 35 ciclos compostos por uma fase de desnaturação

a 95°C por 45 segundos, seguida por uma fase de anelamento a 53°C por 45 segundos, e uma fase de extensão a 72°C por 2 minutos. O ciclo de amplificação foi finalizado com uma extensão final de 10 minutos a 72°C.

Posteriormente à amplificação por PCR, as amostras foram submetidas à eletroforese em gel de agarose a 2%, utilizando tampão 1-Tris-ácido acético-EDTA (TAE) como meio de corrida e o gel foi corado com SYBR™ Safe DNA na concentração de 10,000X, possibilitando a visualização dos fragmentos de DNA sob luz ultravioleta.

Precedendo o sequenciamento, as amostras de DNA foram purificadas utilizando o EXO + SAP Exonuclease/Alkaline Phosphatase mix, da CELLCO, seguindo o protocolo estabelecido pelo fabricante. Com as amostras purificadas, o material foi encaminhado para sequenciamento genético no Centro de Biociências da Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), localizado na Cidade Universitária – Recife/PE.

Blast e Análises Filogenéticas

Os dados de sequenciamento foram montados em contigs, representando sequências contínuas de DNA. Em seguida, esses contigs foram submetidos a uma pesquisa de similaridade no banco de dados GenBank por meio de BLAST. O objetivo foi identificar o complexo pertencente, comparando as sequências obtidas neste estudo com sequências de isolados representativos (incluindo o isolado type) para cada espécie dentro do complexo.

Foi utilizado o software DNA Baser Sequence Assembler para montagem da fita consenso, e os alinhamentos das sequências de DNA foram realizados utilizando a ferramenta MUSCLE, através do MEGA11 (TAMURA et al., 2021).

Com os alinhamentos prontos, foi utilizado o software Mesquite: A modular system for evolutionary analysis, versão 3.81 para fazer a concatenação dos alinhamentos da sequência *RPB2* e *TEF1*. Para análise filogenética, foi realizado a interferência Bayesiana na plataforma CIPRES Science Gateway (<https://www.phylo.org/>), utilizando a ferramenta MrBayes on XSEDE, versão 3.2.7^a, seguindo os parâmetros de de Markov Monte Carlo (MCMC) com 10.000.000 de gerações, utilizando o modelo de substituição de nucleotídeos estabelecido pelo cálculo por Akaike Information Criterion (AIC), por software MrModelTest2 (NYLANDER et al., 2008).

Para visualização das árvores geradas, foi utilizado o software FigTree, versão v1.4.4 (RAMBAUT, 2018)

2.3 Teste de patogenicidade e agressividade

A capacidade de causar doença e a agressividade dos isolados foi mensurado seguindo as etapas do postulado de Koch. Inicialmente os isolados fúngicos foram cultivados em meio BDA durante 5 dias a 24°C com fotoperíodo de 12 horas. Tomates, tipo italiano alongados e, sem a presença de injúrias ou sintomas de doença, foram lavados em água destilada e esterilizada (ADE), submersos em hipoclorito de sódio a 0,5% por 1 minutos e novamente lavados em ADE.

Os frutos foram inoculados através do depósito de um disco de BDA (5 milímetros de diâmetro), contendo micélio fúngico previamente cultivado por 5 dias, a 24°C com fotoperíodo de 12 horas, sobre a epiderme. Foram testados dois métodos de inoculação que divergiram pela presença ou ausência de microferimentos na epiderme do fruto a qual foi depositado o disco de BDA. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com 5 repetições (representada por fruto inoculado). O controle consistiu em frutos inoculados com disco de BDA sem a presença de estruturas fúngica para ambos os métodos de inoculação.

Os frutos foram depositados em caixas plásticas (25,8cm x 17,8cm x 8,5cm) contendo algodão esterilizado umedecido com ADE. As caixas foram fechadas e mantidas a temperatura de 24°C, com fotoperíodo de 12 horas. Após 24 horas, o algodão umedecido foi removido.

A cada 24 horas, durante um período de 6 dias, foi avaliado a presença e tamanho de lesões. O tamanho das lesões foi mensurado em duas direções perpendiculares com o auxílio de paquímetro digital. Análise variância ANOVA foi realizada no software R - The R Project for Statistical Computing e teste de média de Scott-Knott a 5%.

3. RESULTADOS

3.1 Isolamento e caracterização morfológica

Um total de 25 isolados associados a sintomas de podridões em frutos de tomate foi obtido, conforme detalhado na Figura 1. Destes, doze foram obtidos no estado de Pernambuco, sendo nove coletados no município de Recife e três em Igarassu. Adicionalmente, foram obtidos treze isolados no estado de Goiás: três em Morrinhos; dois em Catalão; quatro em Silvânia e quatro em Luziânia.

Em microscopia óptica, mediante a comparação de características morfológicas, foi possível observar que todos os 25 isolados compartilhavam características semelhantes àquelas pertencentes às espécimes do gênero *Fusarium*. Quando cultivados em meio SNA (Synthetic

Nutrient-poor Agar), observou-se que a maioria dos isolados produziam macroconídios falciformes, microconídios, células conidiogênicas filídicas e clamidósporos. Os dados morfométricos das estruturas assexuais dos isolados representativos estão disponíveis na Tabela 1.

Os tomates que apresentavam sintomas de podridão, com lesões aparentes e massa micelial visível, representam uma amostra da qual foi obtido cada isolado fúngico. A sintomatologia era caracterizada por depressão na polpa do fruto, lesões necróticas na epiderme e presença de massa micelial nos tecidos deprimidos no local da infecção.

3.2 Identificação Molecular dos Isolados

O sequenciamento gerou amplicons cujos contigs variaram de **417 a 600 pb** para a região *TEF1* e de **706 a 1165 pb** para a região *RPB2*. Análises BLAST no GenBank permitiram identificar a que complexo de espécies de *Fusarium* pertenciam os isolados obtidos neste estudo, por meio da similaridade de sequências com as sequências de isolados tipo.

Constatou-se que 1 isolado (LPPC 169) pertencente ao complexo de espécie *Fusarium chlamydosporum*, 6 isolados (LPPC 266, LPPC 185, LPPC 182, LPPC 191, LPPC 187 e LPPC 268) pertencem ao complexo de espécie *Fusarium incarnatum-equiseti*, 15 isolados (LPPC 280, LPPC 252, LPPC 238, LPPC 217, LPPC 216, LPPC 213, LPPC 212, LPPC 218, LPPC 256, LPPC 282, LPPC 259, LPPC 262, LPPC 270, LPPC 281 e LPPC 263) pertencem ao complexo de espécie *Fusarium oxysporum*, e 2 isolados (LPPC 168 e LPPC 269) são representantes do gênero *Neocosmospora*. O isolado LPPC 192 foi removido das análises devido à baixa qualidade de suas sequências.

Inicialmente, foi realizado uma análise de BLAST para determinar qual complexo de espécies do gênero *Fusarium* e *Neocosmospora* os isolados pertenciam. Após a obtenção dessa informação, as regiões *TEF1* e *RPB2* foram concatenadas e analisadas por inferência bayesiana, juntamente com todas as espécies pertencentes aos complexos (Tabela 5 e 6). O melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi definido de acordo com cada complexo.

Na árvore filogenética (Fig. 13) gerada por inferência bayesiana usando uma matriz de dados concatenados das sequências das regiões *TEF1* e *RPB2* de isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium chlamydosporum*, é possível observar que o isolado LPPC 169 se agrupou com o isolado tipo da espécie *F. spinosum*, com 100% de probabilidade posterior (PP).

Na árvore filogenética (Fig. 15) gerada por inferência bayesiana usando uma matriz de dados concatenados das sequências das regiões *TEF1* e *RPB2* de isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti*, os isolados LPPC 266, LPPC 185 e LPPC 182 agruparam-se com o isolado tipo da espécie *F. caatingaense*, com 100% de probabilidade posterior (PP). Os isolados LPPC 191 e LPPC 187 agruparam-se com os isolados referência da espécie *F. sulawesiense*, com 100% de PP. O isolado LPPC 268 agrupou-se com isolados referência da espécie *F. compactum*, também com 100% de PP.

Em relação a árvore filogenética (Fig. 14) gerada por inferência bayesiana usando uma matriz de dados concatenados das sequências das regiões *TEF1* e *RPB2* de isolados pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium oxysporum* é possível observar que os isolados LPPC 280, LPPC 252 e LPPC 238 formaram um grupo coeso com 100% de probabilidade posterior (PP), porém não se agruparam com nenhum representante específico desse complexo. Por outro lado, os isolados LPPC 217, LPPC 216 agruparam-se com *F. pharetrum*, *F. veterinarium* e *F. contaminatum* com 63% de PP, enquanto LPPC 213 e LPPC 212 agruparam-se entre si com 99% de PP, mas não se agruparam com representantes espécies desse complexo. O isolado LPPC 218 agrupou-se com os representantes da espécie *F. languescens* com 100% de PP. Já os isolados LPPC 256, LPPC 282, LPPC 259, LPPC 262, LPPC 270, LPPC 281 e LPPC 263 agruparam-se com os representantes da espécie *F. fabacearum*, *F. callistephi* e *F. inflexum*.

Para a árvore filogenética (Fig. 12) gerada por inferência bayesiana usando uma matriz de dados concatenados das sequências das regiões *TEF1* e *RPB2* de isolados pertencentes ao gênero *Neocosmospora*, é possível observar que o isolado LPPC 168 agrupou-se com representantes da espécie *N. falciformis*, com 100% de PP. O isolado LPPC 269 foi agrupado com o representante da espécie *N. solani*, com 85% de PP.

Dos 24 isolados identificados a nível de espécie, por meio das análises filogenéticas, entre os 9 isolados de Recife - PE, foi possível observar 5 espécies identificadas: *F. spinosum* do FCSC, *F. compactum*, *F. caatingaense*, *F. sulawesiense* do FIESC, e *F. languescens* do FOSC. Há também 1 isolado identificado como *Neocosmospora falciformis* do NSSC e 2 isolados que não se agruparam com nenhuma espécie do FOSC. No caso dos isolados do município de Igarassu - PE, ambos foram identificados como *F. sulawesiense*, pertencente ao FIESC. Para os 3 isolados do município de Morrinhos – GO, não houve agrupamento com nenhuma espécie representante do FOSC. Já em Catalão – GO, temos isolados identificados como *F. caatingaense* e *F. compactum*, ambos do FIESC. No município de Luziânia – GO, todos os 4 isolados foram agrupados, porém não identificados precisamente como *F.*

fabacearum, *F. callistephi* ou *F. inflexum*, do FOOSC. Por fim, em Silvânia – GO, os isolados foram agrupados com *F. fabacearum*, *F. callistephi* e *F. inflexum*, do FOOSC, sem possibilidade de distinção de espécie, e um isolado foi identificado como *Neocosmospora solani* (Figura 1).

3.3 Teste de Patogenicidade e Agressividade

Todos os isolados mostraram-se capazes de causar doença quando inoculados em frutos de tomate previamente feridos. Os isolados LPPC 282, LPPC 252, LPPC 268, LPPC 169, LPPC 185 e LPPC 187 foram os mais agressivos, diferindo estatisticamente dos demais, com média de tamanho de lesão variando entre 28,52 e 30,12mm, seis dias após a inoculação. O isolado menos agressivo foi o LPPC 270, apresentando uma média de lesão de 10,07 mm, também após seis dias da inoculação (Tabela 2).

Quando inoculados em frutos sem a presença de microferimentos, apenas 11 isolados provocaram sintomas de podridão, sendo eles: LPPC 191, LPPC 282, LPPC 213, LPPC 217, LPPC 216, LPPC 281, LPPC 212, LPPC 259, LPPC 270, LPPC 252 e LPPC 218. Destacou-se, o isolado LPPC 191 como o mais agressivo, diferindo estatisticamente dos demais ao exibir a maior média de tamanho de lesão em tomates não previamente feridos, registrando uma média de 19,79 mm (Figura 3).

Após 144 horas (6 dias) e concluído o teste de patogenicidade, procedeu-se ao reisolamento dos patógenos. Através das observações microscópicas, foi possível observar que os isolados mantiveram as características da colônia original inoculada nos tomates.

4. DISCUSSÃO

Neste estudo, 25 isolados fúngicos obtidos a partir de frutos de tomate com sintomas de podridão foram identificados como pertencentes aos gêneros *Fusarium* e *Neocosmospora*. Fungos destes gêneros possuem uma grande diversidade de hospedeiros em todo o lugar no mundo, incluindo plantas, animais e humanos, mas a ocorrência dessas espécies é dependente das condições climáticas, principalmente temperatura e umidade. (LOMBARD et al., 2019; MIELNICZUK e SKWARYŁO-BEDNARZ, 2020)

Através de BLAST seguido por inferência bayesiana foi possível constatar que 22 isolados pertencem ao gênero *Fusarium*, agrupando-se em três distintos complexos de espécie: 1 ao complexo de espécies *Fusarium chlamydosporum* – (FCSC); 6 ao complexo de espécies

Fusarium incarnatum-equiseti – (FIESC); e 15 ao complexo de espécies *Fusarium oxysporum* – (FOSC)

Pertencente ao FCSC, O isolado LPPC 169 foi identificado como pertencente a espécie *F. spinosum*. Esta espécie foi descrita por Lombard et al., (2019), sendo isolado pela primeira vez nos Países Baixos, de melão importado do Brasil. Não há relato dessa espécie causando doença em plantas, frutos ou em frutos de tomate, sendo este o primeiro relato de *F. spinosum* causando podridão em frutos de tomate no Brasil e no mundo.

No presente trabalho, os 6 isolados agrupados em FIESC foram identificados como pertencentes às espécies *F. caatingaense*, *F. sulawesiense* e *F. compactum*.

A espécie de *F. caatingaense* foi inicialmente isolada em insetos, especificamente na cochonilha-do-carmin (*Dactylopius opuntiae*) e descrita por Santos et al. (2019), sendo seu primeiro registro realizado em Pernambuco. Foi recentemente relatada como patógeno de plantas de batata-doce (MELO et al, 2024) Este é o primeiro relato de *F. caatingaense* causando doença em frutos de tomate. Historicamente, o complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* era considerado um complexo de patógenos fracos ou secundários para plantas, mas potenciais prejuízos em culturas de importância econômica já vinham sendo relatados, além dos recentes relatos causando doenças em animais e humanos (SUMMERELL et al., 2003; O'DONNELL, et al., 2016; WONLONG e SUNPAPAO, 2020).

Espécies de *F. sulawesiense* já foram relatadas causando doença em ameixa, pimentão, melão, mamão, pepino, arroz, manga e outros (LU et al, 2022; WANG et al., 2023; LIU et al., 2023; YI et al., 2023; FU et al., 2024; PRAMUNADIPTA, 2022), mas não há registro de *Fusarium sulawesiense* causando doença em frutos de tomate, sendo este o primeiro relato no Brasil e no mundo.

Espécies de *F. compactum* foram originalmente descritas por Raillo em 1950 (XIA et al., 2019). Está espécie já foi relatada causando doença em sementes de feijão-caupi (AIGBE e FAWOLE, 2009) e em bananeiras (FRISULLO et al., 1994), mas este é o primeiro relato de *Fusarium compactum* causando doença em frutos de tomate no Brasil e no mundo.

Os isolados que se agruparam no FOSSC foram os de maior número nesse estudo, sendo as espécies *F. fabacearum*, *F. callistephi* e *F. inflexum* com maior número de representantes no mesmo clado. Além de *F. pharetrum*, *F. veterinarium*, *F. contaminatum*, e *F. languescens* que foram identificados nesse estudo causando podridão em frutos de tomate.

A espécie *F. languescens* foi isolada inicialmente de plantas de tomate e foi descrita por Lombard e Crous (2018). Essa espécie já foi relatada causando doença em pimentas-jalapeño

(MONTROYA-MARTÍNEZ, 2023) e murcha em plantas de tomate (INAMI et al., 2010), mas esse é o primeiro relato dessa espécie causando doença em frutos de tomates no mundo.

Análises filogenéticas com sequências dos isolados LPPC 256, LPPC 282, LPPC 259, LPPC 262, LPPC 270, LPPC 281 e LPPC 263 revelaram uma associação com as espécies *F. fabacearum*, *F. callistephi* e *F. inflexum* agrupando-se no mesmo clado. Contudo, torna-se evidente que os marcadores *TEF1* e *RPB2* utilizados não proporcionaram um agrupamento preciso o suficiente para determinar a espécie com confiança. As regiões genéticas *TEF1* e *RPB2* são reconhecidas por sua maior consistência na determinação de espécies de *Fusarium* (LIMA et al., 2021). Contudo, recentes pesquisas têm destacado outras regiões como igualmente cruciais para distinguir espécies desse gênero, sendo as principais *TEF1*, *RPB1* e *RPB2*, além da *ITS* e *28S* (O'DONNELL et al., 2022). Essa observação reforça a necessidade de incorporar novas regiões genômicas na análise filogenética para uma identificação mais acurada dos isolados. A diversidade genética expressa por esses isolados e sua associação com espécies de *Fusarium* que não foram distintamente agrupadas ratificam a complexidade taxonômica dentro do gênero, desta forma não é possível inferir a qual espécie os isolados são pertencentes.

Os isolados LPPC 217 e LPPC 216 se agruparam no mesmo clado com *F. pharetrum*, *F. veterinarium*, *F. contaminatum* e, da mesma forma, não houve uma identificação precisa da espécie, indicando a necessidade da inclusão de novas regiões gênicas para as análises filogenéticas.

Os dois isolados pertencentes ao gênero *Neocosmospora* foram identificados como *N. falciformis* e *N. solani*. A espécie *N. falciformis* foi descrita por Lombardi e Crous (2015) e foi relatado causando doença em plantas de melão (GONZÁLEZ et al., 2020), em cactos e suculentas (KAMALI-SARVESTANI et al., 2022), batata-doce (MELO et al., 2024) além de doenças humanas em pacientes com leucemia (JABR, 2022). Essa espécie já foi relatada causando podridões e murcha em plantas de tomate (VEGA-GUTIÉRREZ et al., 2019), mas esse é o primeiro relato da espécie causando podridão em frutos de tomate.

A espécie *N. solani* já foi relatada como importante causadora de podridão em frutos de tomate em pós-colheita (TOMATO et al., 2013; AMADIOHA e UCHENDU, 2003). Além disso, já foi relatado causando doença em várias culturas como amêndoa, soja, quinoa abacaxi e muitos outros. (OREN et al., 2023; COSTA, 2016; YIN et al., 2024; ZHANG et al., 2023). Este trabalho reafirma a capacidade da espécie de *N. solani* de causar doença em frutos de tomate.

Todos os isolados de *Fusarium* e *Neocosmospora* submetidos ao teste de patogenicidade causaram podridão nos frutos de tomate. Contudo, a manifestação da podridão foi condicionada à existência prévia de ferimentos ou aberturas na polpa. Em condições em que tais ferimentos não estavam presentes, apenas 44% dos isolados (LPPC 191, LPPC 282, LPPC 213, LPPC 217, LPPC 216, LPPC 281, LPPC 212, LPPC 259, LPPC 270, LPPC 252 e LPPC 218) demonstraram a capacidade de causar doença. Este padrão sugere que existe uma presença de mecanismos de agressividade distintos nesses isolados, conferindo-lhes a capacidade de provocar doença mesmo na ausência de lesões visíveis, na epiderme dos frutos de tomate. Este resultado é significativo, pois enfatiza a importância crítica de evitar ferimentos nos frutos durante todas as etapas do processo agrícola, desde a colheita até o armazenamento. Isso reforça a importância de adotar medidas que minimizem danos físicos aos tomates, não apenas para preservar sua qualidade, mas também para evitar infecções fúngicas que possam comprometer a segurança alimentar e a produtividade agrícola.

Adicionalmente, é importante ressaltar que os isolados LPPC 169, LPPC 182, LPPC 185, LPPC 218, LPPC 187, LPPC 192, LPPC 238, LPPC 266, LPPC 263, LPPC 262 e LPPC 256 não foram capazes de induzir doença nos tomates sem a presença de um ferimento, mas demonstraram crescimento superficial sobre os frutos (Figura 3). Esta observação ressalta a habilidade intrínseca desses isolados para se estabelecerem e proliferarem como saprófitos na ausência de sintomas aparentes.

No teste de patogenicidade, os isolados diferiram estatisticamente entre si, mostrando diferentes níveis de agressividade, apesar de todos terem sido apontados como patogênicos no tratamento com ferimento. Os isolados LPPC 282, LPPC 252, LPPC 268, LPPC 169, LPPC 185 e LPPC 187 foram os mais virulentos, no tratamento com ferimento. Sendo o LPPC 268, LPPC 169, LPPC 187 e LPPC 185 identificados como *F. compactum*, *F. spinosum*, *F. sulawesiense* e *F. caatingaense*.

O estudo revelou uma ampla diversidade de fungos fusarioides causando podridão em frutos de tomate, destacando a presença de espécies como *N. falciformis*, *F. spinosum*, *F. caatingaense*, *Fusarium languescens*, *F. sulawesiense* e *F. compactum*, que foram identificadas pela primeira vez associadas a essa doença. Esses resultados enfatizam a importância da determinação precisa da etiologia das doenças para o direcionamento de estratégias de manejo, especialmente considerando que não existem produtos registrados para controlar doenças causadas por *Fusarium* spp. em frutos de tomate no Brasil. Essa diversidade de espécies ressalta a complexidade das interações entre esses patógenos e frutos de tomate, exigindo abordagens de controle específicas e adaptadas para enfrentar esses desafios.

5. REFERÊNCIAS

- AIGBE, S. O.; FAWOLE, B. First report of a cowpea seed rot caused by *Fusarium compactum* in Nigeria. **American-Eurasian Journal of Sustainable Agriculture**, 3(3), 388-392. 2009
- ALFENAS, A. C.; MAFIA, R. G. Métodos em fitopatologia. (2º ed). **Viçosa: UFV**, 2016.
- AMADIOHA, A. C.; UCHENDU, P. N. Post harvest control of tomato fruit rot caused by *Fusarium solani* with extracts of *Azadirachta indica*. **Discovery and Innovation**, v. 15, n. 1, p. 83-86, 2003.
- ARAH, I. K.; AMAGLO, H.; KUMAH, E. K.; OFORI, H. Preharvest and postharvest factors affecting the quality and shelf life of harvested tomatoes: a mini review. **International Journal of Agronomy**, 2015.
- ARAÚJO, M. B. M.; MOREIRA, G. M.; NASCIMENTO, L. V.; NOGUEIRA, G. A.; NASCIMENTO, S. R. C.; PFENNING, L. H.; AMBRÓSIO, M. M. Q. *Fusarium* rot of melon CAROLLO, E. M.; SANTOS FILHO, H. P. Manual básico de técnicas fitopatológicas. Cruz das Almas: **Embrapa Mandioca e Fruticultura**, 2016.
- CASTELLANI, A. Viability of some pathogenic fungi in distilled water. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 42, p. 225-226, 1939.
- COLARICCIO, A.; EIRAS, M.; CHAVES, A.L.R.; LOURENÇÃO, A.L.; MELO, A.M.T.; SIQUEIRA, W.J. Detecção do *Chysoanthemum stem necrosis viru* em tomateiro no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica** 25: 252-254. 2000.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Tomate: Análise dos Indicadores da Produção e Comercialização no Mercado Mundial, Brasileiro e Catarinense. 2019. Acesso em 02 jan. 2024
- COSTA, S. S.; MATOS, K. S.; TESSMANN, D. J.; SEIXAS, C. D.; PFENNING, L. H. *Fusarium paranaense* sp. nov., a member of the *Fusarium solani* species complex causes root rot on soybean in Brazil. **Fungal biology**, 120(1), 51-60. 2016
- FAOSTAT - FAOSTAT FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Disponível em <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em 16 de jan. de 2022.
- FRISULLO, S.; LOGRIECO, A.; MORETTI, A.; GRAMMATIKAKI, G.; BOTTALICO, A. Banana shoot and root rot caused by *Fusarium compactum* in Crete. **Phytopathologia Mediterranea** , 78-82. 1994
- FU, M.; YIN, C.; XIA, Z.; ZHANG, L. First report of root rot in *Trichosanthes kirilowii* (Chinese cucumber) caused by *Fusarium sulawesiense* in China. **Plant Disease**, 2024
- GONZÁLEZ, V.; RUIZ, J. J.; PICÓ, B.; GARCÍA-MARTÍNEZ, S.; GARCÉS-CLAVER, A.; FLORES-LEÓN, A. First report of *Neocosmospora falciformis* causing wilt and root rot of muskmelon in Spain (No. ART-2020-117938). 2020
- GRANDILLO, S.; ZAMIR, D.; TANKSLEY, S. D. Genetic improvement of processing tomatoes: A 20 years perspective. **Euphytica**, 110, 85-97. 1999

HORTIFRUTI BRASIL. Anuário HF Brasil: Retrospectiva 2023 & Perspectiva 2024. **Revista Hortifruti Brasil**. EPEA USP/ESALQ. 2023.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Produção de Tomate. Disponível em <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/tomate/br>> Acesso em 15 jan, 2024

INAMI, K.; YOSHIOKA, C.; HIRANO, Y.; KAWABE, M.; TSUSHIMA, S.; TERAOKA, T.; ARIE, T. Real-time PCR for differential determination of the tomato wilt fungus, *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, and its races. **Journal of General Plant Pathology**, 76, 116-121. 2010

JABR, R. E.; LIESMAN, R. M.; SETHAPATI, V. R.; SHOEMAKER, D. M.; SPEC, A.; EL ATROUNI, W. Disseminated Infection Due to *Neocosmospora (Fusarium) falciformis* in a Patient with Acute Myelogenous Leukemia. Kansas. **Journal of Medicine**, 15, 67. 2022

KAMALI-SARVESTANI, S.; MOSTOWFIZADEH-GHALAMFARSA, R.; SALMANINEZHAD, F.; CACCIOLA, S. O. *Fusarium* and *Neocosmospora* species associated with rot of *Cactaceae* and other succulent plants. **Journal of Fungi**, 8(4), 364. 2022

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, Y. G.; ZHANG, X. P.; LIU, S. M.; ZHU, X. P.; XIA, J. W. First report of muskmelon fruit rot caused by *Fusarium sulawesiense* in China. **Plant Disease**, 107(10), 3313. 2023

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**, 43(1), i-ii. 2019

LOMBARD, L.; SANDOVAL-DENIS, M.; LAMPRECHT, S. C.; CROUS, P. W. Epitypification of *Fusarium oxysporum* – clearing the taxonomic chaos. **Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 43, n. 1, p. 1-47, 2019.

LOMBARD, L.; VAN DER MERWE, N. A.; GROENEWALD, J. Z.; CROUS, P. W. Generic concepts in *Nectriaceae*. **Studies in Mycology**, 80(1), 189-245. 2015

LOMBARD, L.; VAN DOORN, R.; CROUS, P. W. Neotypification of *Fusarium chlamydosporum* - a reappraisal of a clinically important species complex. **Fungal Systematics and Evolution**, v. 4, p. 183–200, 2019.

LOPES, C. A.; DE ÁVILA, A. C. Doenças do tomateiro. 3. ed. rev. e ampl. Brasília, DF: **EMBRAPA**, 2021.

LU, M.; ZHANG, Y.; LI, Q.; HUANG, S.; TANG, L.; CHEN, X.; GUO, T.; MO, J.; MA, L. First report of leaf blight caused by *Fusarium pernambucanum* and *Fusarium sulawesiense* on plum in Sichuan, China. **Plant Disease**, 106(10), 2759. 2022

MAHOVIC, M.; SARGENT, S. A.; BARTZ, J. A. Identifying and controlling postharvest tomato diseases in Florida. Florida: **Horticultural Sciences Department**, p. 1-11, 2004.

- MELLO, J. F.; SANTOS, A. C. S.; BRITO, A. C. Q.; NETO, J. V. S.; SOUZA, A. E. A.; COSTA, A. F.; GOMES, A. A. M.; SOUZA-MOTTA, C. M.; LOPES, U. P.; MACHADO, A. R. Species diversity of fusarioid genera associated with sweet potato in Brazil, including the description of a new species. *Plant Pathology*. 2024
- MIELNICZUK, E.; SKWARYŁO-BEDNARZ, B. *Fusarium* head blight, mycotoxins and strategies for their reduction. *Agronomy*, v. 10, n. 4, p. 509, 2020.
- MONTOYA-MARTÍNEZ, A. C.; FIGUEROA-BRAMBILA, K. M.; ESCALANTE-BELTRÁN, A.; LÓPEZ-MONTOYA, N. D.; VALENZUELA-RUIZ, V.; PARRA-COTA, F. I.; ESTRADA ALVARADO, M. I.; SANTOS-VILLALOBOS, S. de los. Biological Control Mechanisms of *Bacillus cabrialesii* subsp. *tritici* TSO2T against *Fusarium languescens*, the Causal Agent of Wilt in Jalapeño Peppers. *Horticulturae*, v. 9, n. 9, p. 964, 2023.
- NYLANDER, J.; ZOOLOGY, S.; POSADA, D.; MRMODELTEST, R.; OS, F. MrModeltest2 v. 2.3 (Program for selecting DNA substitution models using PAUP*). *Evolutionary Biology Centre, Uppsala, Sweden*, 2008.
- ODONNELL, K., WHITAKER, B. K.; LARABA, I.; PROCTOR, R. H.; BROWN, D. W.; BRODERS, K.; KIM, H.; McCORMICK, S. P.; BUSMAN, M.; AOKI, T.; TORRES-CRUZ, T. J.; GEISER, D. M. DNA Sequence-Based Identification of *Fusarium*: A Work in Progress. *Plant disease*, 106(6), 1597-1609. 2022
- O'DONNELL, K.; SUTTON, D.A.; FOTHERGILL, A.; MCCARTHY, D.; RINALDI, M.G.; BRANDT, M.E.; ZHANG, N.; GEISER, D.M. 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.
- ÖREN, E.; OZAN, G. N.; BAYRAKTAR, H. First report of *Neocosmospora solani* associated with trunk and scaffold cankers on almond in Turkey. *Journal of Plant Pathology*, 105(4), 1711-1711. 2023
- PEREIRA, R. B.; PINHEIRO, J. B.; DE CARVALHO, A. D. F. Diagnose e controle alternativo de doenças em tomate, pimentão, curcubitáceas e cenoura. Embrapa Hortaliças. *Circular Técnica*. 2013
- PRAMUNADIPTA, S.; WIDIASTUTI, A.; WIBOWO, A.; SUGA, H.; PRIYATMOJO, A. Identification and pathogenicity of *Fusarium* spp. associated with the sheath rot disease of rice (*Oryza sativa*) in Indonesia. *Journal of Plant Pathology*, 1-17. 2022
- RAMBAUT, A. FigTree v1. 4.4. **GITHUB**, 2018.
- SANHUEZA, R. M. V.; DE MELO, I. S. Isolamento de antagonistas a patógenos que colonizam ferimentos de plantas. *Métodos de seleção de microrganismos antagônicos a fitopatógenos*, p. 7, 2007.
- TAMURA, Koichiro; STECHER, Glen; KUMAR, Sudhir. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, v. 38, n. 7, p. 3022-3027, 2021.
- TOMATO, L. T. R. B.; BAKAR, A. A.; IZZATI, M. N. A.; UMI KALSOM, Y. Diversity of *Fusarium* species associated with post-harvest fruit rot disease of tomato. *Sains Malaysiana*, 42(7), 911-920. 2013

USDA Fungal databases. **U.S. DEPARTMENT OF AGRICULTURE**. Disponível em <https://fungi.ars.usda.gov>. Acesso em 22 jan. 2024

VEGA-GUTIÉRREZ, T. A.; LÓPEZ-ORONA, C. A.; LÓPEZ-URQUÍDEZ, G. A.; VELARDE-FÉLIX, S.; AMARILLAS-BUENO, L. A.; MARTÍNEZ-CAMPOS, A. R.; ALLENDE-MOLAR, R. Foot rot and wilt in tomato caused by *Fusarium falciforme* (FSSC 3+4) in Mexico. **Plant Disease**, 103(1), 157. 2019

WANG, R.; SUN, W.; TANG, L.; HUANG, S.; CHEN, X.; GUO, T.; LI, Q. Fruit Rot Caused by *Fusarium sulawesiense* on Chili in Guangxi, China. **Plant Disease**, 107(9), 2842. 2023

YI, R. H.; LIAN, T.; SU, J. J.; CHEN, J. First report of internal black rot on *Carica papaya* fruit caused by *Fusarium sulawesiense* in China. **Plant Disease**, 106(1), 319. 2022

YIN, H.; TIAN, M.; PENG, Y.-F.; CHEN, Y.-L.; QIN, N.; LÜ, H.; SUN, J.-W.; REN, L.; ZHAO, X.-J. Characterization, phylogeny and pathogenicity of *Fusarium solani* causing quinoa basal stem rot in Shanxi Province, China. **Plant Pathology**, 2024.

ZHANG, Y.; MA, H.; LIU, S.; HU, H.; REN, L.; WANG, Y. First Report of Leaf Spot Disease on Pineapple Caused by *Fusarium solani* in China. **Plant Disease**. 2021

6. APÊNDICE

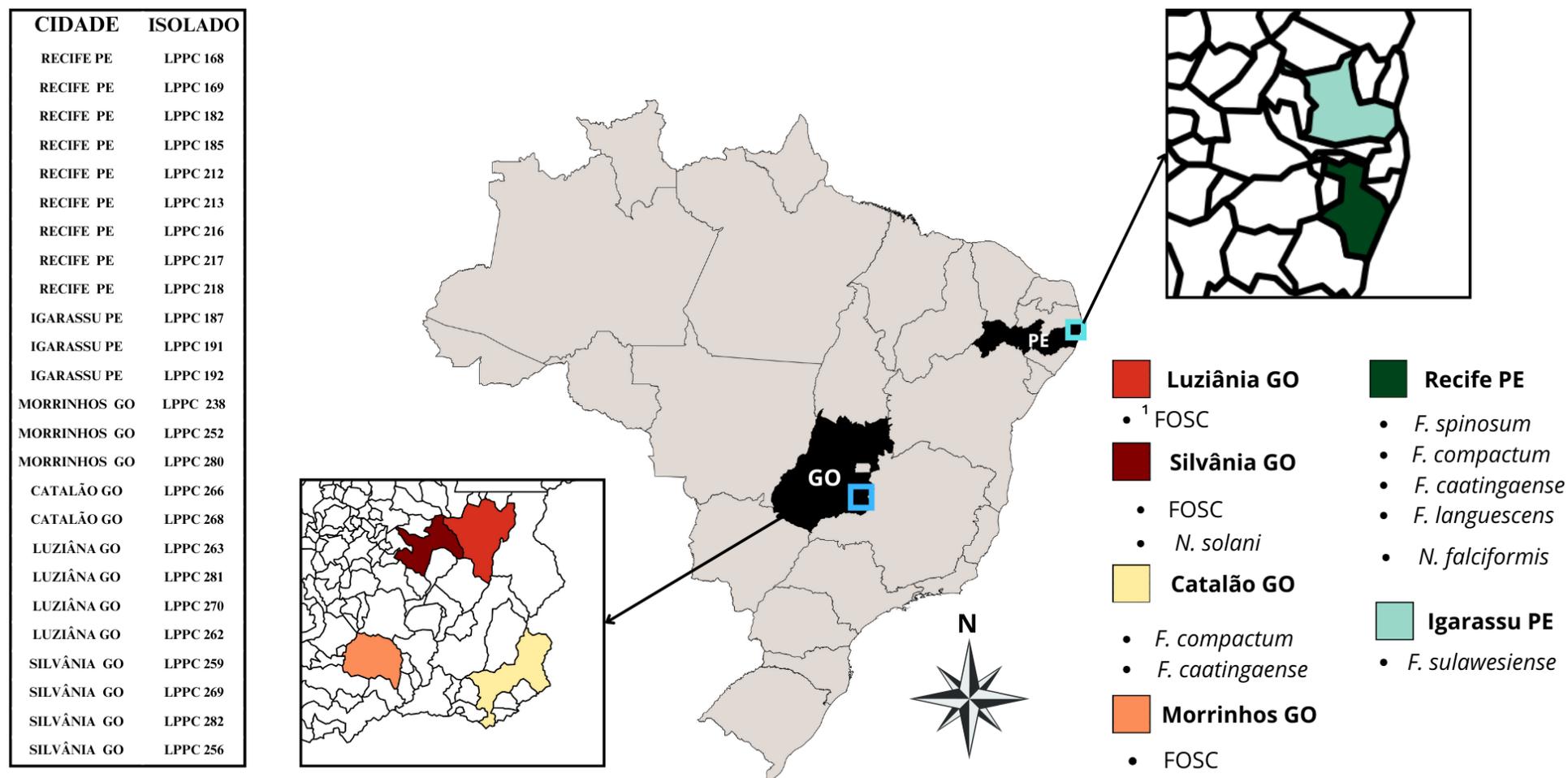


Figura 1. Relação dos isolados obtidos, distribuição dos isolados de *Fusarium* e *Neocosmospora* nos municípios dos estados de Goiás (GO) e Pernambuco (PE) e identificação de complexos e espécies pertencentes dos isolados.

¹Complexo de espécies *Fusarium oxysporum*

Tabela 1. Características morfológica dos isolados fusarioides obtidos de frutos de tomate com sintomas de podridão

Isolado	Espécie	Clamidósporo	Fiálide	Macroconídios			Microconídios		
				Comprimento(μm)	Largura(μm)	Septos	Comprimento(μm)	Largura(μm)	Septos
LPPC 169	<i>F. spinosum</i>	Presente	Polifialídica	-	-	-	0,52	0,25	0
LPPC 185	<i>F. caatingaense</i>	Presente	Polifialídico	2,23	0,25	1 - 3	-	-	-
LPPC 182	<i>F. caatingaense</i>	Presente	Polifialídico	-	-	-	0,74	0,25	0
LPPC 191	<i>F. sulawesiense</i>	Ausente	Polifialídico	2,56	0,25	2 - 5	0,75	0,25	0
LPPC 268	<i>F. compactum</i>	Presente	Monofialídico	7,19	0,25	0	-	-	-
LPPC 280	FOSC	Presente	Monofialídico	2,95	0,25	2 - 3	0,75	0,25	0
LPPC 252	FOSC	Presente	Monofialídico	2,28	0,25	2	0,5	0,25	0
LPPC 238	FOSC	Presente	Monofialídico	2,47	0,25	2	0,32	0,25	0
LPPC 216	FOSC	Presente	Monofialídico	-	-	-	1,03	0,25	0 - 1
LPPC 213	FOSC	Ausente	Monofialídico	-	-	-	0,97	0,25	0
LPPC 212	FOSC	Presente	Monofialídico	1,63	0,25	0 - 1	0,25	0,25	0
LPPC 218	<i>F. languescens</i>	Presente	Monofialídico	-	-	-	0,66	0,25	0
LPPC 256	FOSC	Presente	Monofialídico	-	-	-	0,77	0,25	0
LPPC 259	FOSC	Presente	Monofialídico	1,74	0,25	2 - 3	0,61	0,25	0
LPPC 281	FOSC	Presente	Monofialídico	-	-	-	0,75	0,25	0
LPPC 168	<i>N. falciformes</i>	Presente	Monofialídico	3,6	0,25	3 - 4	0,99	0,25	0 - 1
LPPC 269	<i>N. solani</i>	Presente	Monofialídico	2,53	0,25	1 - 2	0,52	0,25	0

Tabela 2. Médias das lesões em frutos de tomate após 6 dias de inoculação, considerando a presença e ausência de microferimentos (Lesão).

ISOLADO	MÉDIA DA LESÃO (mm)	
	COM LESÃO	SEM LESÃO
LPPC 282	30.12 Aa	14.59 Bb
LPPC 252	30.00 Aa	5.97 Cb
LPPC 268	29.64 Aa	0.00 Db
LPPC 169	29.52 Aa	0.00 Db
LPPC 185	29.33 Aa	0.00 Db
LPPC 187	28.52 Aa	0.00 Db
LPPC 238	25.40 Ba	0.00 Db
LPPC 192	24.11 Ba	0.00 Db
LPPC 218	23.82 Ba	4.39 Cb
LPPC 191	23.71 Ba	19.79 Ab
LPPC 212	23.35 Ba	10.03 Bb
LPPC 217	22.58 Ba	14.56 Bb
LPPC 280	22.50 Ba	0.00 Db
LPPC 266	21.90 Ca	0.00 Db
LPPC 213	21.66 Ca	14.57 Bb
LPPC 216	21.29 Ca	12.71 Bb
LPPC 269	21.10 Ca	0.00 Db
LPPC 259	20.21 Ca	6.47 Cb
LPPC 281	18.97 Ca	12.58 Bb
LPPC 263	18.51 Ca	0.00 Db
LPPC 168	15.58 Da	0.00 Db
LPPC 262	15.51 Da	0.00 Db
LPPC 256	15.23 Da	0.00 Db
LPPC 182	14.36 Da	0.00 Db
LPPC 270	10.07 Ea	6.11 Cb
Testemunha	0.00 Fa	0.00 Da

CV (%) 21.67

Resultado do teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade para comparação de médias, com diferenças estatísticas entre os tratamentos representadas em letras maiúsculas nas colunas e em minúsculas nas linhas.

Tabela 3. Média das lesões em frutos de tomate, após 144 horas de inoculação sem fermento

ISOLADO	MÉDIA DA LESÃO (mm)
LPPC 191	19.79 A
LPPC 282	14.58 B
LPPC 213	14.56 B
LPPC 217	14.56 B
LPPC 216	12.71 B
LPPC 281	12.58 B
LPPC 212	10.03 B
LPPC 259	6.47 C
LPPC 270	6.11 C
LPPC 252	5.97 C
LPPC 218	4.39 C
LPPC 168	0.00 D
LPPC 169	0.00 D
LPPC 182	0.00 D
LPPC 185	0.00 D
LPPC 187	0.00 D
LPPC 192	0.00 D
LPPC 238	0.00 D
LPPC 256	0.00 D
LPPC 262	0.00 D
LPPC 263	0.00 D
LPPC 266	0.00 D
LPPC 268	0.00 D
LPPC 269	0.00 D
LPPC 280	0.00 D
Testemunha	0.00 D
CV (%)	21.67

Resultado do teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade para comparação de médias, onde grupos com a mesma letra não apresentam diferenças estatisticamente significativas

Tabela 4. Média das lesões em frutos de tomate, após 144 horas de inoculação com ferimento

ISOLADOS	COM LESÃO
LPPC 282	30.12 A
LPPC 252	30.00 A
LPPC 268	29.64 A
LPPC 169	29.52 A
LPPC 185	29.33 A
LPPC 187	28.52 A
LPPC 238	25.40 B
LPPC 192	24.11 B
LPPC 218	23.82 B
LPPC 191	23.71 B
LPPC 212	23.35 B
LPPC 217	22.58 B
LPPC 280	22.50 B
LPPC 266	21.90 C
LPPC 213	21.66 C
LPPC 216	21.29 C
LPPC 269	21.10 C
LPPC 259	20.21 C
LPPC 281	18.97 C
LPPC 263	18.51 C
LPPC 168	15.58 D
LPPC 262	15.51 D
LPPC 256	15.23 D
LPPC 182	14.36 D
LPPC 270	10.07 E
Testemunha	0.00 F
CV(%)	21.67

Resultado do teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade para comparação de médias, onde grupos com a mesma letra não apresentam diferenças estatisticamente significativas

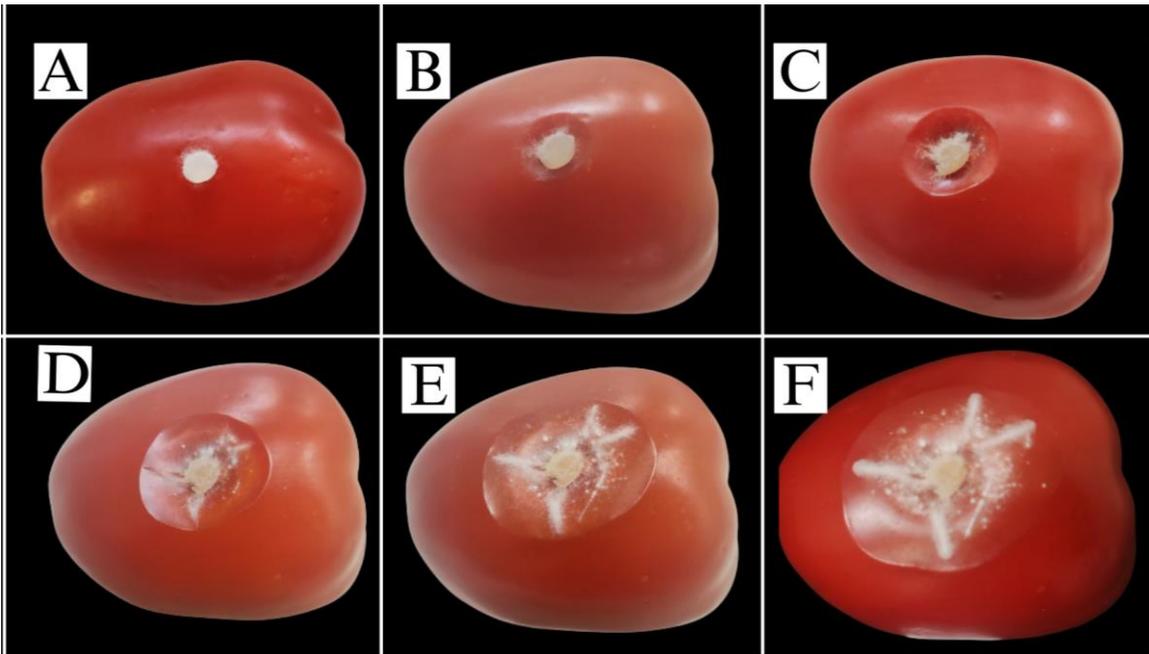


Figura 2. Progresso da lesão em frutos de tomate no teste de patogenicidade conduzido ao longo de seis dias para o isolado LPPC 169 identificado como *Fusarium spinosum*. Avaliação realizada durante 6 dias em intervalos de 24 horas, começando com 24 horas (A) e indo até 144 horas (F).

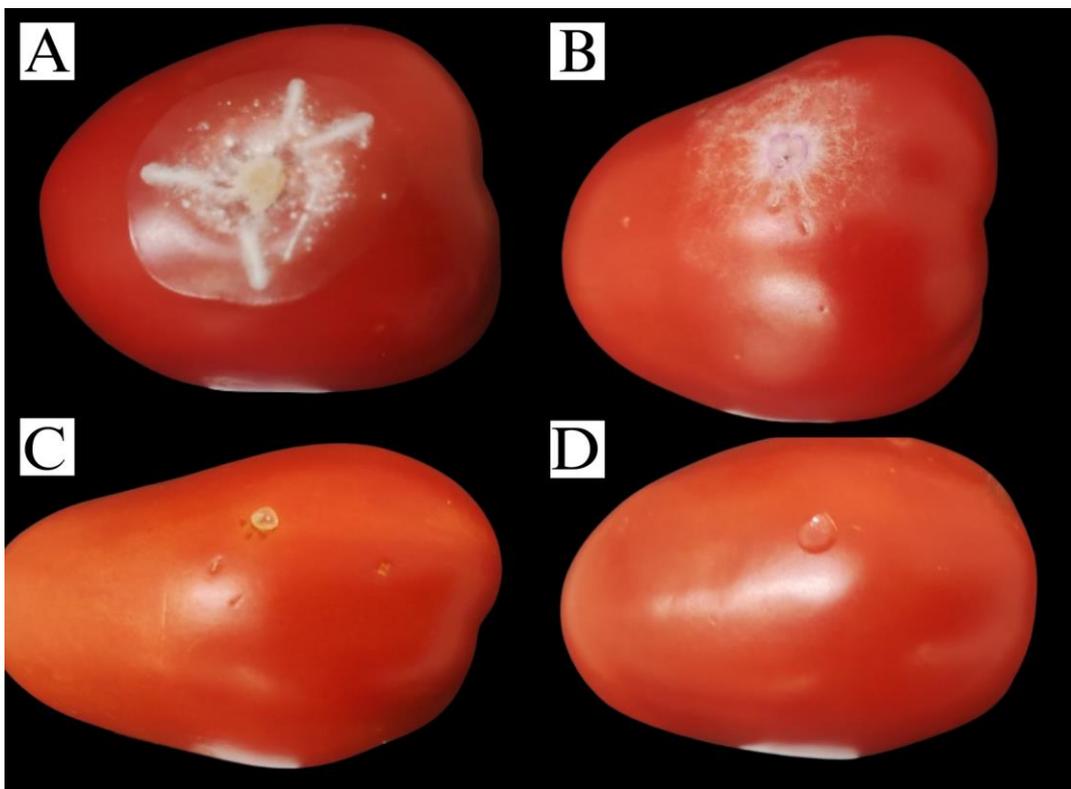


Figura 3. Lesão causada por *Fusarium spinosum* em frutos de tomate com ferimento (A) e sem ferimento (B), após 6 dias de inoculação do disco contendo crescimento micelial do patógeno. Testemunha com ferimento (C), Testemunha sem ferimento (D) inoculada com disco de BDA livre do patógeno



Figura 4. Colônia dos isolados de *Fusarium* spp. e *Neocosmospora* spp. após 7 dias de crescimento em meio BDA (Batata - Dextrose - Ágar). [A] - LPPC 238, [B] - LPPC 252, [C] - LPPC 256, [D] - LPPC 259, [E] - LPPC 262, [F] - LPPC 263, [G] - LPPC 266, [H] - LPPC 268, [I] - LPPC 269, [J] - LPPC 270, [K] - LPPC 281, [L] - LPPC 282, [M] - LPPC 256, [N] - LPPC 212, [O] - LPPC 187, [P] - LPPC 191, [Q] - LPPC 192, [R] - LPPC 169, [S] - LPPC 185, [T] - LPPC 213, [U] - LPPC 217, [V] - LPPC 218, [W] - LPPC 216, [X] - LPPC 168, [Y] - LPPC 182

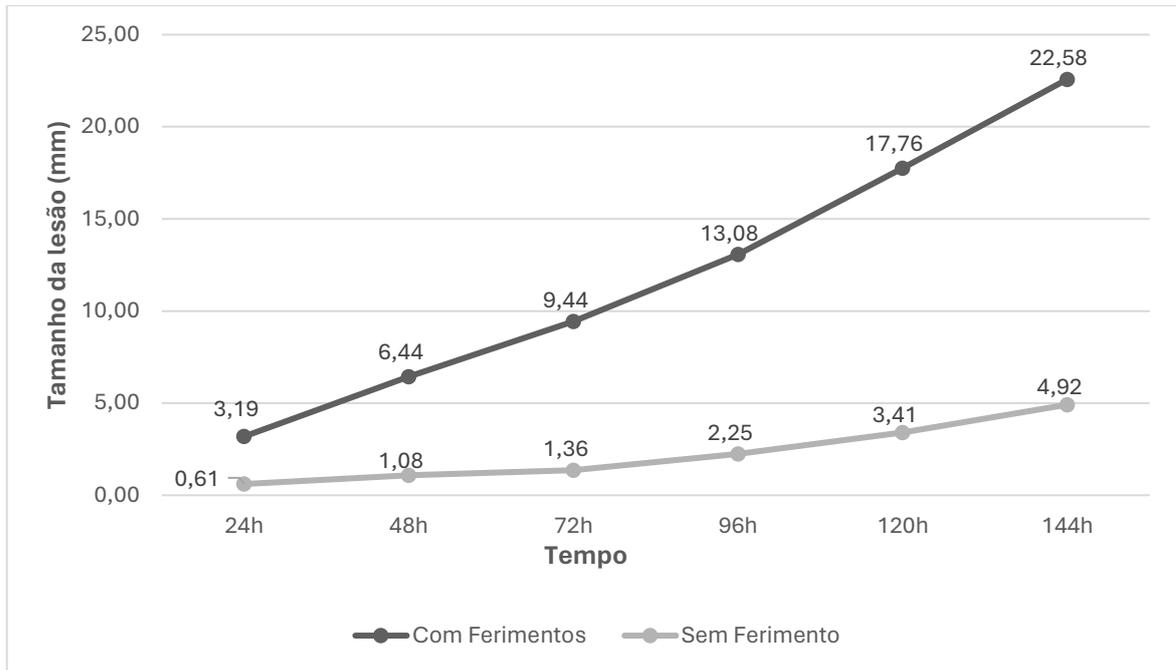


Figura 5. Curvas de progresso da podridão em tomates, inoculados com fungos fusarioides.

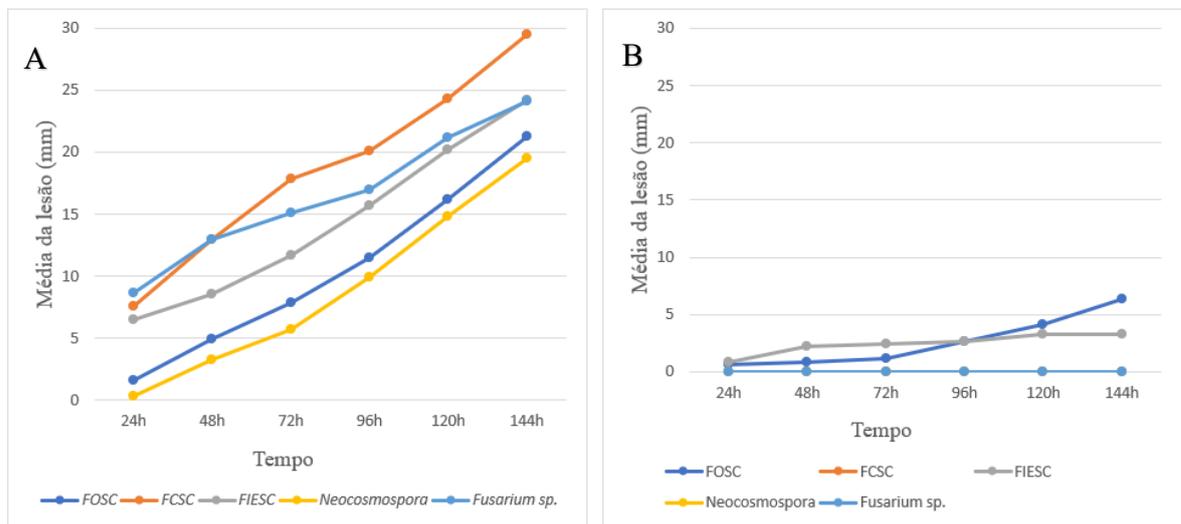


Figura 6. Curvas do progresso, para complexos, da podridão em frutos de tomates inoculados com fungos fusarioides, com ferimento (A) e sem ferimento (B).

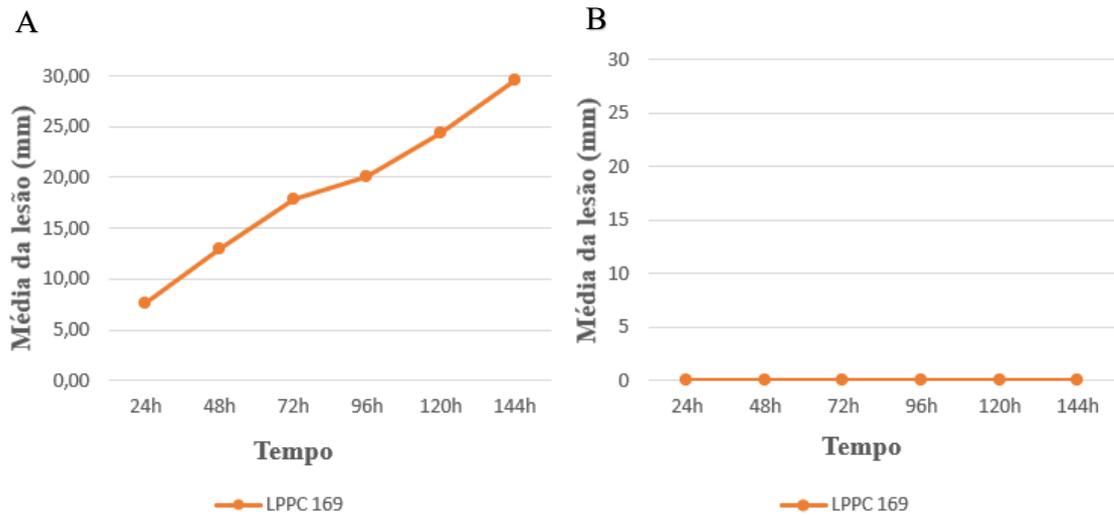


Figura 7. Curvas de progresso da podridão em frutos de tomates para o isolado do complexo de espécies *Fusarium Chlamydosporum*, com fermento (A) e sem fermento (B).

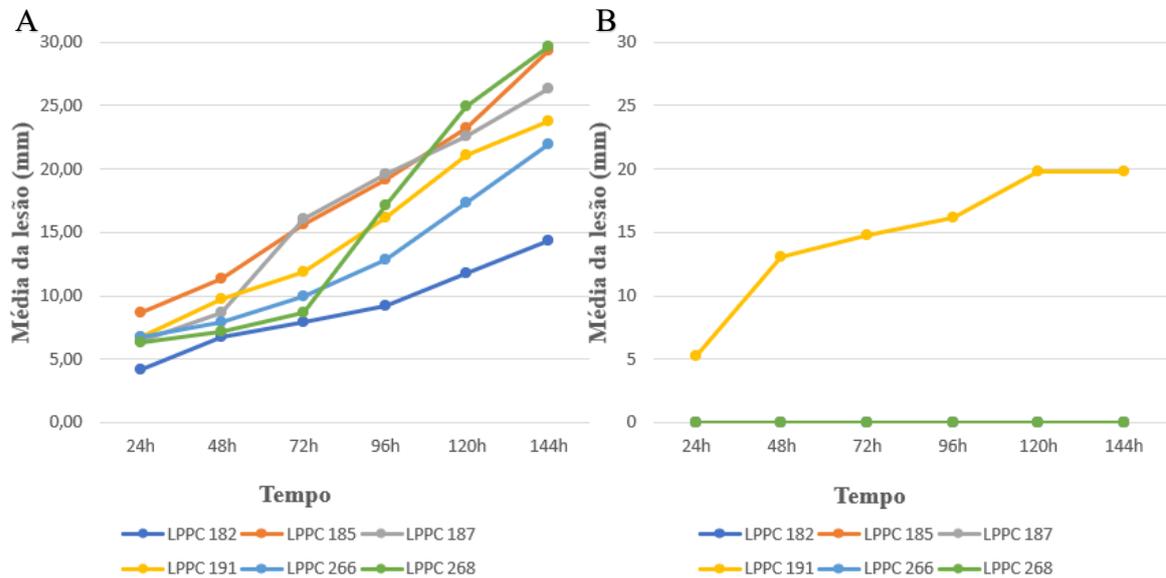


Figura 8. Curvas de progresso da podridão em frutos de tomates para os isolados do complexo de espécies *Fusarium incarnatum-equiseti*, com fermento (A) e sem fermento (B).

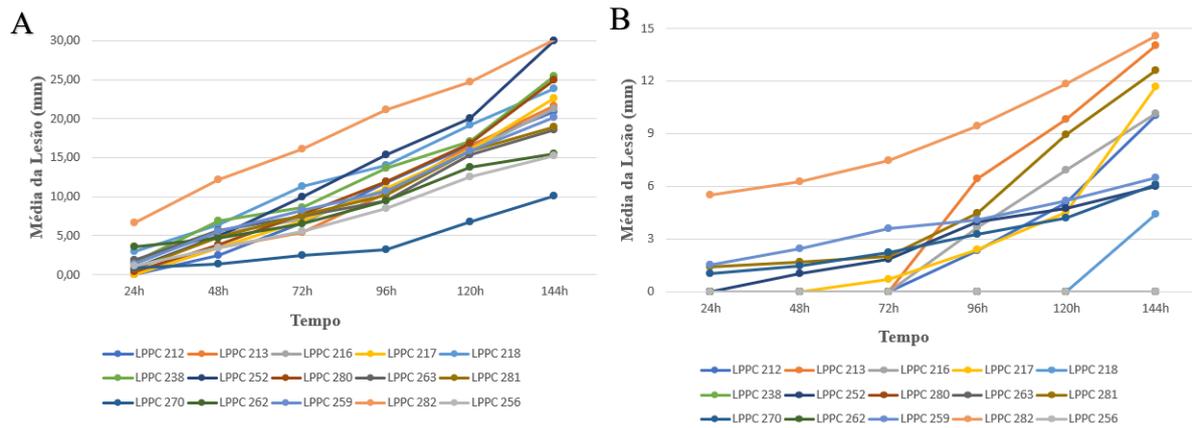


Figura 9. Curvas de progresso da podridão em frutos de tomates, para os isolados do complexo de espécies *Fusarium oxysporum*, com fermento (A) e sem fermento (B).

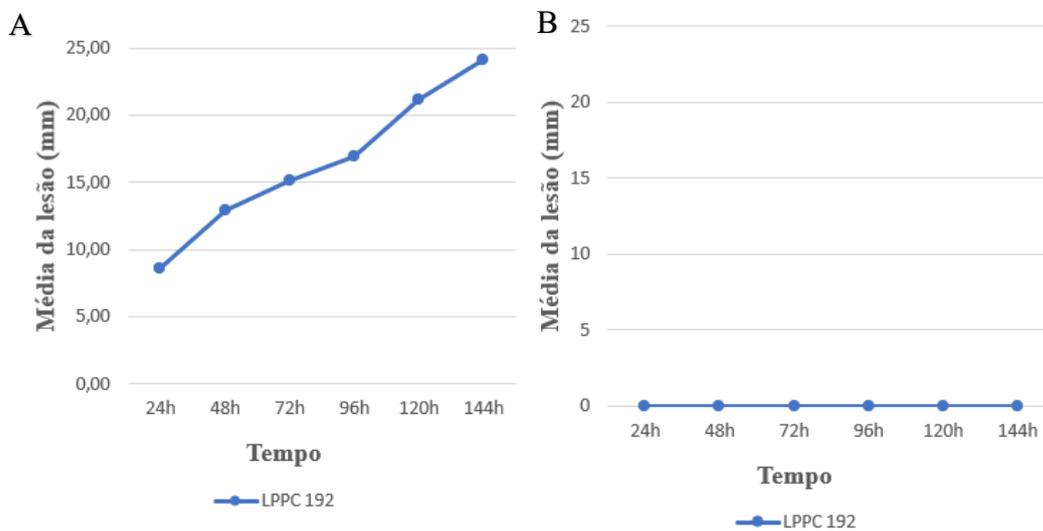


Figura 10. Curvas de progresso da podridão em frutos de tomates do isolado LPPC 192, identificado como *Fusarium sp.*, com fermento (A) e sem fermento (B).

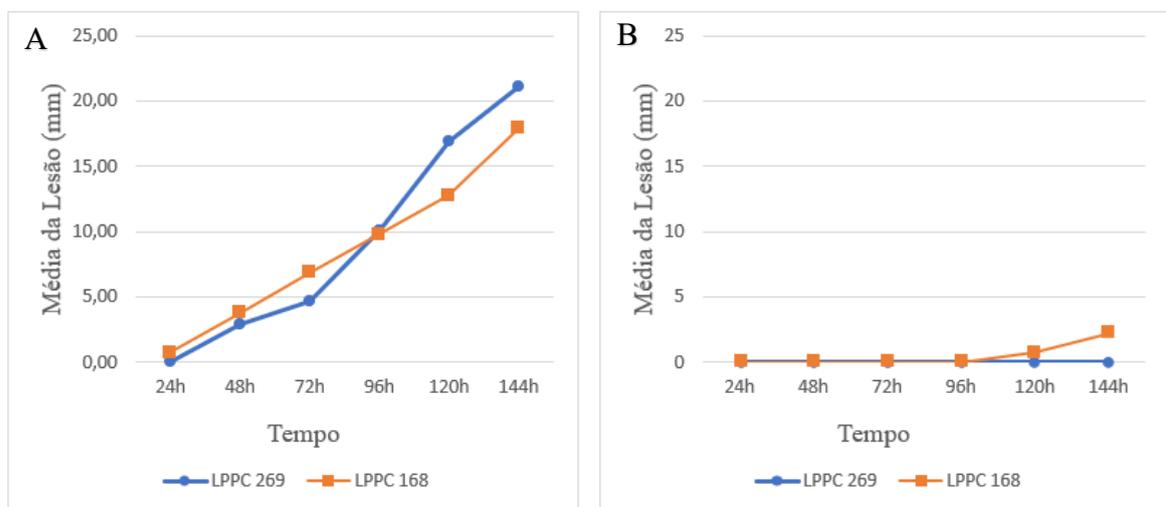


Figura 11. Curvas de progresso da podridão em frutos de tomates para os isolados do gênero *Neocosmospora*, com fermento (A) e sem fermento (B).

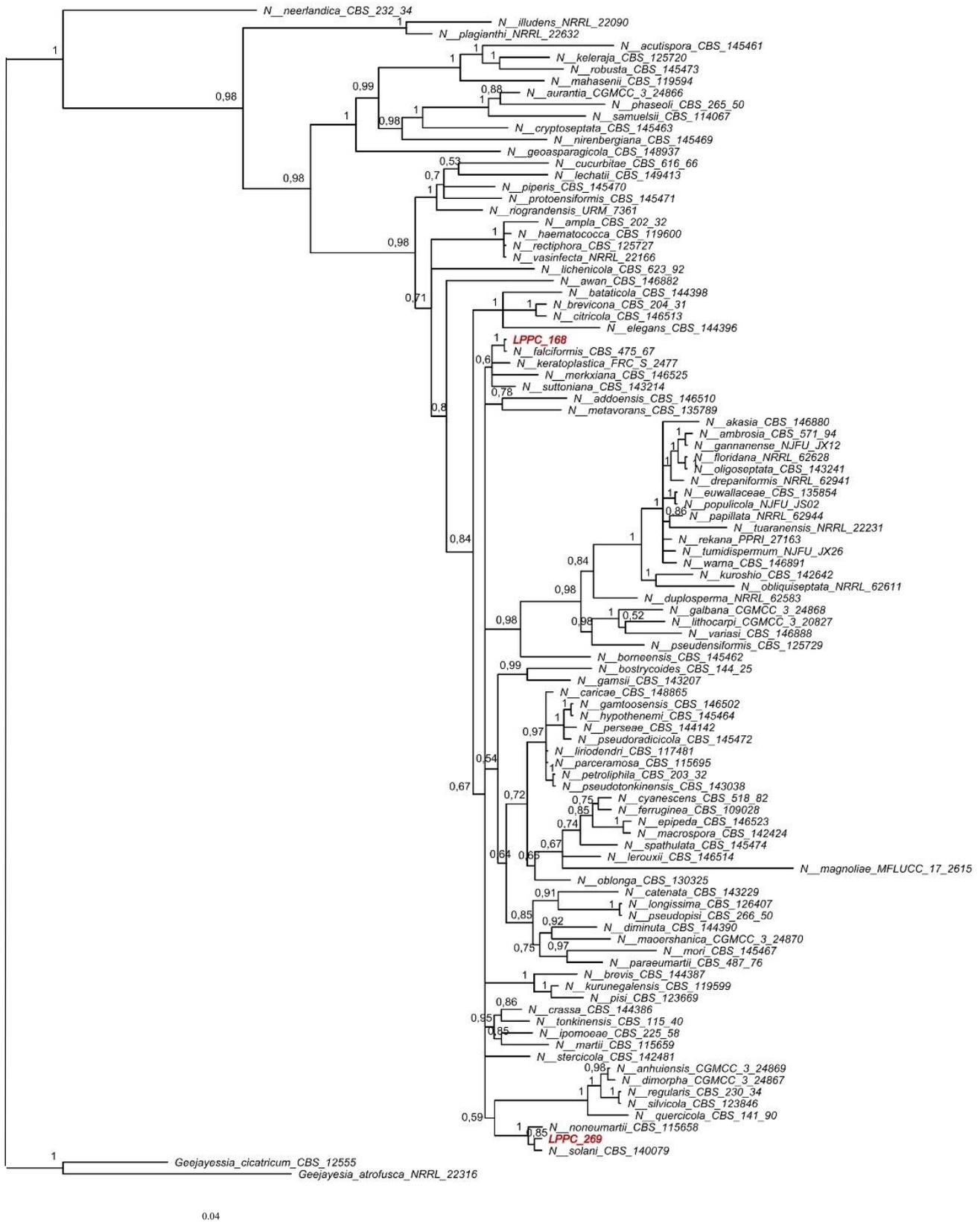


Figura 12. Árvore filogenética gerada por Inferência Bayesiana, exibindo as espécies pertencentes ao gênero *Neocosmospora*, utilizando sequências das regiões *TEF1* e *RPB2*. O melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi o GTR+I+G para *TEF1* e SYM+I+G para *RPB2*. Os isolados do presente estudo estão destacados em vermelho, e os valores de probabilidade posterior encontram-se nos nós. Espécies de *Geejaysesia cicatricum* e *Geejaysesia atrofusca* foram utilizadas como outgroup

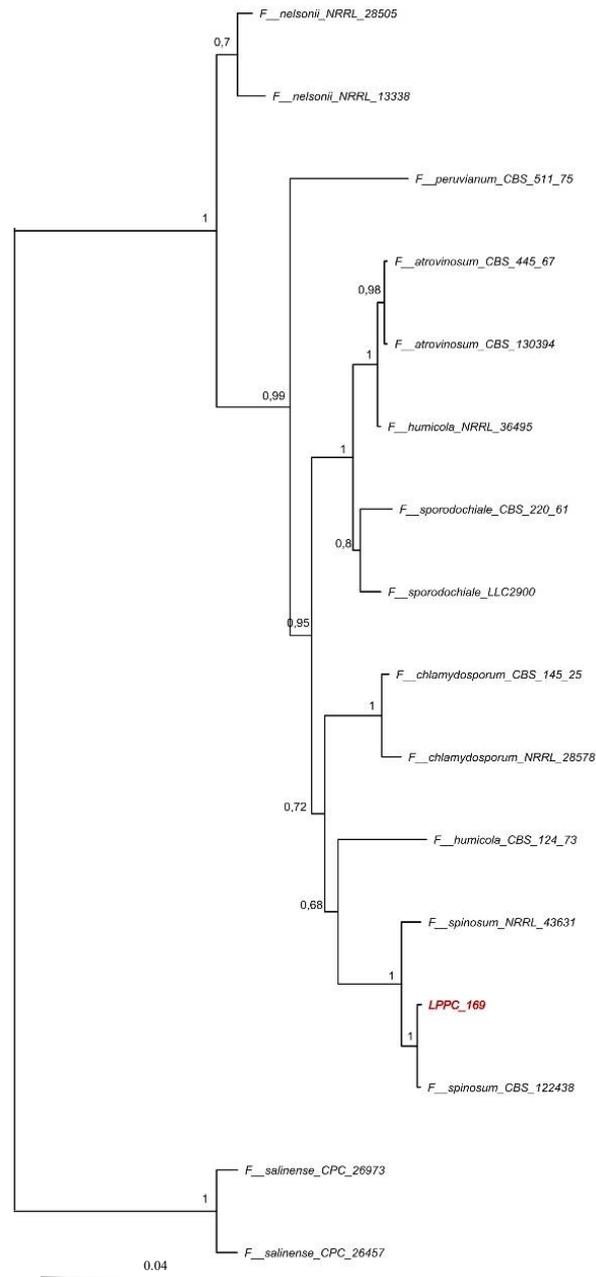


Figura 13. Árvore filogenética gerada por Inferência Bayesiana, exibindo as espécies pertencentes ao complexo de espécies *Fusarium chlamydosporum*, utilizando sequências das regiões *TEF1* e *RPB2*. O modelo de substituição de nucleotídeo foi definido como GTR+G tanto para *TEF1* quanto para *RPB2*. Os isolados do presente estudo estão destacados em vermelho, e os valores de probabilidade posterior encontram-se nos nós. Espécies de *Fusarium salinense* foram utilizadas como outgroup.

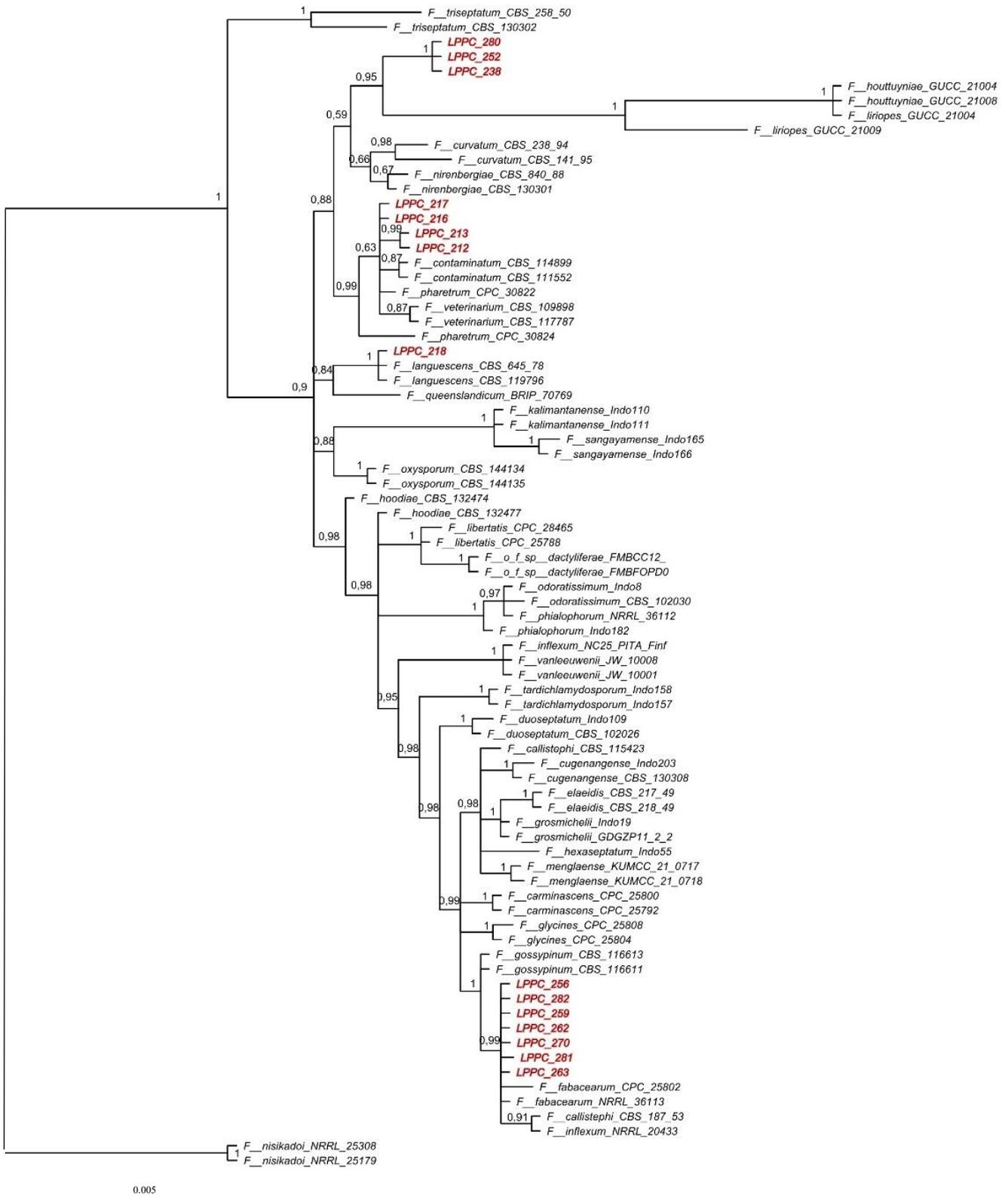


Figura 14. Árvore filogenética gerada por Inferência Bayesiana, exibindo as espécies pertencentes ao complexo de *Fusarium oxysporum*, utilizando sequências das regiões *TEF1* e *RPB2*. O melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi definido como HKY+G para *TEF1* e SYM+G para *RPB2*. Os isolados do presente estudo estão destacados em vermelho, e os valores de probabilidade posterior encontram-se nos nós. Espécies de *F. nisikadoi* foram utilizadas como outgroup.

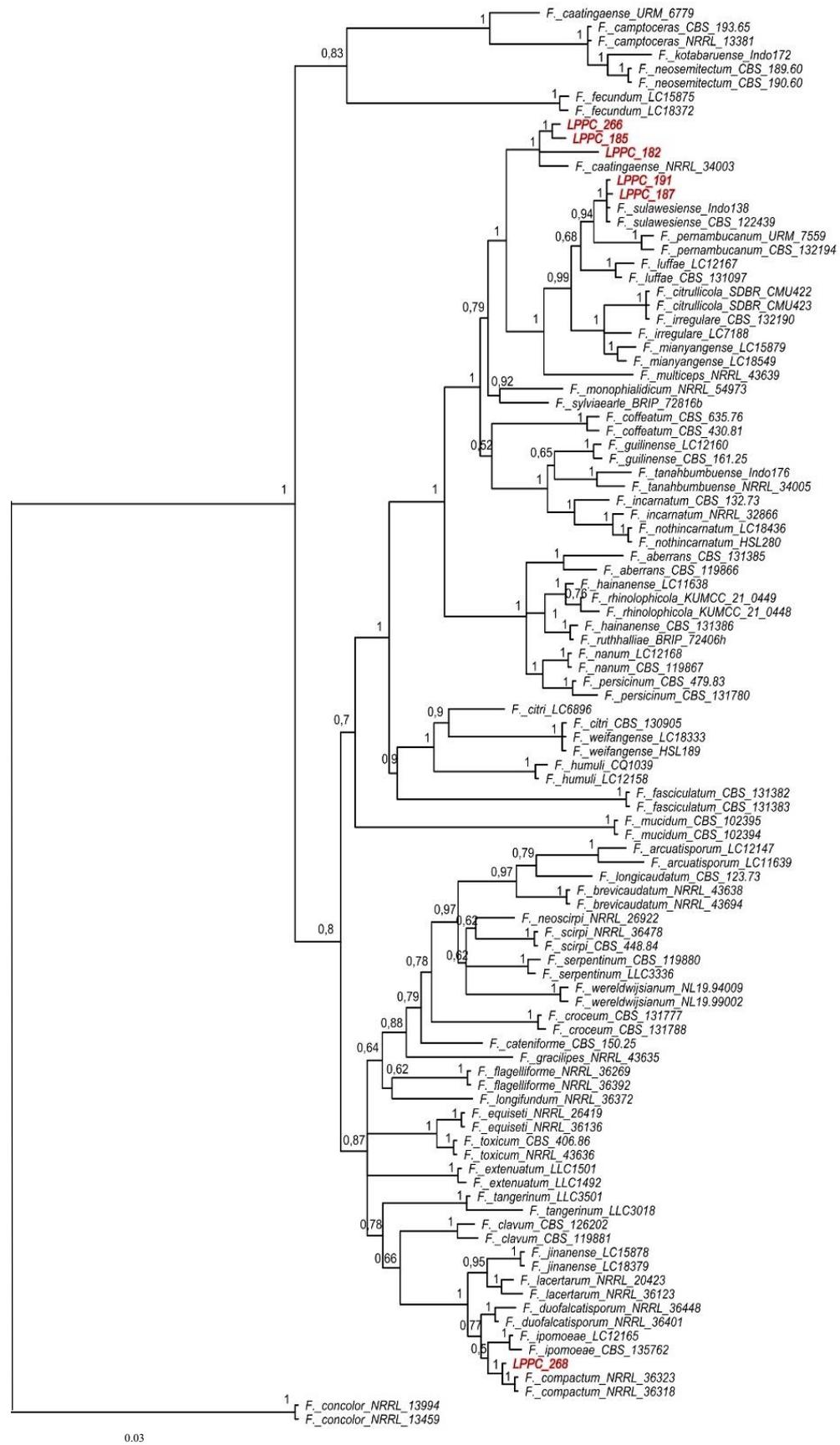


Figura 15. Árvore filogenética gerada por Inferência Bayesiana, exibindo as espécies pertencentes ao complexo de *Fusarium incarnatum-equiseti* utilizando sequências das regiões *TEF1* e *RPB2*. O modelo de substituição de nucleotídeos foi GTR+I+G para *TEF1* e *RPB2*. Os isolados do presente estudo estão destacados em vermelho, e os valores de probabilidade posterior encontram-se nos nós. Espécies de *F. concolor* foram utilizadas como outgroup.

Tabela 5. Relação dos Isolados do gênero *Neocosmospora* e código de acesso das sequencias do GenBank para os isolados utilizados neste estudo

Complexo de espécies	Espécie	Código do isolado	Codigo de acesso no GenBank	
			TEF-1 α	RPB2
<i>Neocosmospora</i> (FSSC)	<i>N. acutispora</i>	CBS 145461 T	LR583593.1	LR583814.1
	<i>N. addoensis</i>	CBS 146510 T	MW248741.1	MW446575.1
	<i>N. akasia</i>	CBS 146880 T	MT009951.1	MT009931.1
	<i>N. ambrosia</i>	CBS 571.94 T	FJ240350.1	EU329503.1
	<i>N. ampla</i>	CBS 202.32 T	LR583594.1	LR583815.1
	<i>N. anhuiensis</i>	CGMCC 3.24869 T	OQ866530.1	OQ866525.1
	<i>N. aurantia</i>	CGMCC 3.24866 T	OQ866528.1	OQ866523.1
	<i>N. awan</i>	CBS 146882 T	MT009973.1	MT009919.1
	<i>N. bataticola</i>	CBS 144398 T	AF178344.1	FJ240381.1
	<i>N. borneensis</i>	CBS 145462 T	AF178352.1	EU329515.1
	<i>N. bostrycoides</i>	CBS 144.25 T	LR583597.1	LR583818.1
	<i>N. brevicona</i>	CBS 204.31 T	LR583600.1	LR583821.1
	<i>N. brevis</i>	CBS 144387 T	LR583601.1	LR583822.1
	<i>N. caricae</i>	CBS 148865 T	OK539518.1	OK415859.1
	<i>N. catenata</i>	CBS 143229 T	KC808214.1	KC808355.1
	<i>N. citricola</i>	CBS 146513 T	MW248747.1	MW446581.1
	<i>N. crassa</i>	CBS 144386 T	LR583604.1	LR583823.1
	<i>N. cryptoseptata</i>	CBS 145463 T	AF178351.1	EU329510.1
	<i>N. cucurbitae</i>	CBS 616.66 T	DQ247592.1	LR583825.1
	<i>N. cyanescens</i>	CBS 518.82 T	LR583605.1	LR583826.1
	<i>N. diminuta</i>	CBS 144390 T	LR583607.1	LR583828.1
	<i>N. dimorfa</i>	CGMCC 3.24867 T	OQ866529.1	OQ866524.1
	<i>N. drepaniformis</i>	NRRL 62941 T	KM406626.1	KM406647.1
	<i>N. duplosperma</i>	NRRL 62583 T	KC691553.1	KC691642.1
	<i>N. elegans</i>	CBS 144396 T	AF178336.1	FJ240380.1
	<i>N. epipeda</i>	CBS 146523 T	MW834285.1	MW834022.1
	<i>N. euwallaceae</i>	CBS 135854 T	JQ038007.1	JQ038028.1
	<i>N. falciformes</i>	CBS 475.67 T	LT906669.1	LT960558.1

<i>N. ferruginea</i>	CBS 109028 T	DQ246979.1	EU329581.1
<i>N. floridana</i>	NRRL 62628 T	KC691535.1	KC691624.1
<i>N. galbana</i>	CGMCC 3.24868 T	OQ866532.1	OQ866527.1
<i>N. gamsii</i>	CBS 143207 T	DQ246951.1	EU329576.1
<i>N. gamtoosensis</i>	CBS 146502 T	MW248762.1	MW446611.1
<i>N. gannanense</i>	NJFU-JX12 T	LC701609.1	LC701981.1
<i>N. geosparagicola</i>	CBS 148937 T	ON745622.1	ON759301.1
<i>N. haematococca</i>	CBS 119600 T	DQ247510.1	LT960561.1
<i>N. hypohenemi</i>	CBS 145464 T	JF740850.1	JF741176.1
<i>N. illudens</i>	NRRL 22090 T	AF178326.1	JX171601.1
<i>N. ipomoeae</i>	CBS 225.58 T	LR583609.1	LR583830.1
<i>N. keleraja</i>	CBS 125720 T	LR583612.1	LR583834.1
<i>N. keratoplastica</i>	FRC S-2477 T	JN235712.1	JN235897.1
<i>N. kuroshio</i>	CBS 142642 T	KX262216.1	LR583837.1
<i>N. kurunegalensis</i>	CBS 119599 T	DQ247511.1	LR583838.1
<i>N. lechatii</i>	CBS 149413 T	OP481884.1	OP481882.1
<i>N. lerouxii</i>	CBS 146514 T	MW248768.1	MW446617.1
<i>N. lichenicola</i>	CBS 623.92 T	LR583620.1	LR583845.1
<i>N. liriiodendri</i>	CBS 117481 T	AF178340.1	EU329506.1
<i>N. lithocarp</i>	CGMCC 3.20827 T	MW620172.1	MW474697.1
<i>N. longissima</i>	CBS 126407 T	LR583621.1	LR583846.1
<i>N. macrospora</i>	CBS 142424 T	LT746218.1	LT746331.1
<i>N. magnoliae</i>	MFLUCC 17-2615 T	MT212207.1	MT212200.1
<i>N. mahasenii</i>	CBS 119594 T	DQ247513.1	LT960563.1
<i>N. maoershanica</i>	CGMCC 3.24870 T	OQ866531.1	OQ866526.1
<i>N. martii</i>	CBS 115659 T	JX435156.1	JX435256.1
<i>N. merckxiana</i>	CBS 146525 T	MW834288.1	MW834025.1
<i>N. metavorans</i>	CBS 135789 T	LR583627.1	LR583849.1
<i>N. mori</i>	CBS 145467 T	AF178358.1	EU329499.1
<i>N. neerlandica</i>	CBS 232.34 T	MW847906.1	MW847903.1
<i>N. nelsonii</i>	CBS 309.75 T	MW847907.1	MW847904.1
<i>N. nirenbergiana</i>	CBS 145469 T	AF178339.1	EU329505.1

<i>N. noneumartii</i>	CBS 115658 T	LR583630.1	LR583852.1
<i>N. obliquiseptata</i>	NRRL 62611 T	KC691548.1	KC691637.1
<i>N. oblonga</i>	CBS 130325 T	LR583631.1	LR583853.1
<i>N. oligoseptata</i>	CBS 143241 T	KC691538.1	LR583854.1
<i>N. papillata</i>	NRRL 62944 T	KM406627.1	KM406648.1
<i>N. paraeumartii</i>	CBS 487.76 T	DQ247549.1	LR583855.1
<i>N. parceramosa</i>	CBS 115695 T	JX435149.1	JX435249.1
<i>N. perseae</i>	CBS 144142 T	LT991902.1	LT991909.1
<i>N. petroliphila</i>	CBS 203.32 T	DQ246835.1	LR583857.1
<i>N. phaseoli</i>	CBS 265.50 T	HE647964.1	KM232375.1
<i>N. piperis</i>	CBS 145470 T	AF178360.1	EU329513.1
<i>N. pisi</i>	CBS 123669 T	LR583636.1	LR583862.1
<i>N. plagianthi</i>	NRRL 22632 T	AF178354.1	JX171614.1
<i>N. populicola</i>	NJFU-JS02 T	LC701601.1	LC701965.1
<i>N. protoensiformis</i>	CBS 145471 T	AF178334.1	EU329498.1
<i>N. pseudensiformis</i>	CBS 125729 T	DQ247512.1	KC691645.1
<i>N. pseudopisi</i>	CBS 266.50 T	MW834290.1	MW834027.1
<i>N. pseudoradicicola</i>	CBS 145472 T	JF740757.1	JF741084.1
<i>N. pseudotonkinensis</i>	CBS 143038 T	LR583640.1	LR583867.1
<i>N. quercicola</i>	CBS 141.90 T	DQ247634.1	LR583869.1
<i>N. rectiphora</i>	CBS 125727 T	DQ247509.1	LR583871.1
<i>N. regularis</i>	CBS 230.34 T	LR583643.1	LR583873.1
<i>N. rekana</i>	PPRI 27163 T	MN249151.1	MN249137.1
<i>N. riograndensis</i>	URM 7361 T	KX534002.1	KX534003.1
<i>N. robusta</i>	CBS 145473 T	AF178341.1	EU329507.1
<i>N. samuelsii</i>	CBS 114067 T	LR583644.1	LR583874.1
<i>N. silvicola</i>	CBS 123846 T	LR583646.1	LR583876.1
<i>N. solani</i>	CBS 140079 T	KT313611.1	KT313623.1
<i>N. spathulata</i>	CBS 145474 T	DQ246882.1	EU329542.1
<i>N. stercicola</i>	CBS 142481 T	LR583658.1	LR583887.1
<i>N. suttoniana</i>	CBS 143214 T	DQ247163.1	EU329630.1
<i>N. tonkinensis</i>	CBS 115.40 T	LT906672.1	LT960564.1

<i>N. tuaranensis</i>	NRRL 22231 T	KC691542.1	KC691631.1
<i>N. tumidispermum</i>	NJFU-JX26 T	LC701621.1	LC701993.1
<i>N. variasi</i>	CBS 146888 T	MT009967.1	MT009913.1
<i>N. vasinfecta</i>	NRRL 22166 T	AF178350.1	EU329497.1
<i>N. warna</i>	CBS 146891 T	MT009955.1	MT009920.1

Tabela 6. Relação dos isolados e códigos de acesso no GenBank das sequências de espécies de *Fusarium* utilizadas neste estudo

Complexo de espécies	Espécie	Código do isolado	Código de acesso no GenBank	
			TEF-1 α	RPB2
<i>Fusarium chlamyosporum</i> species complex (FCSC)	<i>F. atrovinosum</i>	CBS 445.67 T	MN120752.1	MW928822.1
	<i>F. atrovinosum</i>	CBS 130394	MN120753	MN120734.1
	<i>F. chlamyosporum</i>	CBS 145.25 T	MN120754.1	MN120735.1
	<i>F. chlamyosporum</i>	CBS 615.87	GQ505405.1	GQ505469.1
	<i>F. humicola</i>	CBS 124.73 T	MN120757.1	MN120738.1
	<i>F. humicola</i>	CBS 491.77	GQ505421.1	GQ505485.1
	<i>F. nelsonii</i>	CBS 119876 T	GQ505404.1	GQ505468.1
	<i>F. nelsonii</i>	NRRL 13338	GQ505402.1	GQ505466.1
	<i>F. peruvianum</i>	CBS 511.75 T	MN120767.1	MN120746.1
	<i>F. spinosum</i>	CBS 122438 T	MN120768.1	MN120747.1
	<i>F. spinosum</i>	NRRL 43631	GQ505427.1	GQ505491.1
	<i>F. sporodochiale</i>	CBS 220.61 T	MN120770.1	MN120749.1
<i>F. sporodochiale</i>	LLC2900	OP486862.1	OP486431.1	
<i>Fusarium incarnatum-equiseti</i> species complex (FIESC)	<i>F. aberrans</i>	CBS 131385 T	MN170445.1	MN170378.1
	<i>F. aberrans</i>	CBS 119866	MN170444.1	MN170377.1
	<i>F. arcuatisporum</i>	CGMCC 3.19493 T	MK289584.1	MK289739.1
	<i>F. arcuatisporum</i>	LC11639	MK289586.1	MK289736.1
	<i>F. brevicaudatum</i>	NRRL 43638 T	GQ505665.1	GQ505843.1

<i>F. brevicaudatum</i>	NRRL 43694	GQ505668.1	GQ505846.1
<i>F. caatingaense</i>	URM 6779 T	LS398466.1	LS398495
<i>F. caatingaense</i>	CBS 130317	GQ505627.1	GQ505805.1
<i>F. camptoceras</i>	CBS 193.65 T	MN170450.1	MN170383.1
<i>F. camptoceras</i>	NRRL 13381	GQ915504.1	GQ915488.1
<i>F. cateniforme</i>	CBS 150.25 T	MN170451.1	MN170384.1
<i>F. citri</i>	CGMCC 3.19467 T	MK289617.1	MK289771.1
<i>F. citri</i>	CBS 130905	MN170454.1	MN170387.1
<i>F. citrullicola</i>	SDBR-CMU422 T	OP020920.1	OP020928.1
<i>F. citrullicola</i>	SDBR-CMU423	OP020921.1	OP020929.1
<i>F. clavus</i>	CBS 126202 T	MN170456.1	MN170389.1
<i>F. clavus</i>	CBS 119881	MN170457.1	MN170390
<i>F. coffeatum</i>	CBS 635.76 T	MN120755.1	MN120736.1
<i>F. coffeatum</i>	CBS 430.81	MN120756.1	MN120737.1
<i>F. compactum</i>	CBS 186.31 T	GQ505648.1	GQ505826.1
<i>F. compactum</i>	CBS 185.31	GQ505646.1	GQ505824.1
<i>F. croceum</i>	CBS 131777 T	MN170463.1	MN170396.1
<i>F. croceum</i>	CBS 131788	MN170464.1	MN170397.1
<i>F. duofalcatissporum</i>	CBS 384.92 T	GQ505652.1	GQ505830.1
<i>F. duofalcatissporum</i>	CBS 264.50	GQ505651.1	GQ505829.1
<i>F. equiseti</i>	CBS 307.94 T	GQ505599.1	GQ505777.1
<i>F. equiseti</i>	CBS 107.07	GQ505644.1	GQ505822.1
<i>F. extenuatum</i>	EMCC-F333 T	OP487158.1	OP486728.1
<i>F. extenuatum</i>	LLC1492	OP487157.1	OP486727.1
<i>F. fasciculatum</i>	CBS 131382 T	MN170473.1	MN170406.1
<i>F. fasciculatum</i>	CBS 131383	MN170474.1	MN170407.1
<i>F. fecundum</i>	CGMCC 3.23516 T	OQ125250.1	OQ125544.1
<i>F. fecundum</i>	LC18372	OQ125248.1	OQ125542.1
<i>F. flagelliforme</i>	CBS 162.57 T	GQ505645.1	GQ505823.1
<i>F. flagelliforme</i>	CBS 259.54	GQ505650.1	GQ505828.1
<i>F. gracilipes</i>	CBS 130384 T	GQ505662.1	GQ505840.1
<i>F. guilinense</i>	CGMCC 3.19495 T	MK289594.1	MK289747.1

<i>F. guilinense</i>	CBS 161.25	MN170448.1	MN170381.1
<i>F. hainanense</i>	CGMCC 3.19478 T	MK289581.1	MK289735.1
<i>F. hainanense</i>	CBS 131386	MN170510.1	MN170443.1
<i>F. humuli</i>	CGMCC 3.19374 T	MK289570.1	MK289724.1
<i>F. humuli</i>	LC12158	MK289592.1	MK289745.1
<i>F. incarnatum</i>	CBS 132.73 T	MN170476.1	MN170409.1
<i>F. incarnatum</i>	CBS 130314	GQ505615.1	GQ505793.1
<i>F. ipomoeae</i>	CGMCC 3.19496 T	MK289599.1	MK289752.1
<i>F. ipomoeae</i>	CBS 135762	MN170478.1	MN170411.1
<i>F. irregulare</i>	CGMCC 3.19489 T	MK289629.1	MK289783.1
<i>F. irregulare</i>	CBS 132190	MN170480.1	MN170413.1
<i>F. jinanense</i>	CGMCC 3.23519 T	OQ125131.1	OQ125521.1
<i>F. jinanense</i>	LC18379	OQ125132.1	OQ125522.1
<i>F. kotabaruense</i>	InaCC F963 T	LS479445	LS479859
<i>F. lacertarum</i>	CBS 130185 T	GQ505593.1	JX171581.1
<i>F. lacertarum</i>	CBS 102300	GQ505643.1	GQ505821.1
<i>F. longicaudatum</i>	CBS 123.73 T	MN170481.1	MN170414.1
<i>F. longifundum</i>	CBS 235.79 T	GQ505649.1	GQ505827.1
<i>F. luffae</i>	CGMCC 3.19497 T	MK289601.1	MK289754.1
<i>F. luffae</i>	CBS 131097	MN170482.1	MN170415.1
<i>F. mianyangense</i>	CGMCC 3.23520 T	OQ125232.1	OQ125510.1
<i>F. mianyangense</i>	LC18549	OQ125226.1	OQ125511.1
<i>F. monophialidicum</i>	NRRL 54973 T	MN170483.1	KC808362.1
<i>F. mucidum</i>	CBS 102395 T	MN170485.1	MN170418.1
<i>F. mucidum</i>	CBS 102394	MN170484.1	MN170417.1
<i>F. multiceps</i>	CBS 130386 T	GQ505666.1	GQ505844.1
<i>F. nanum</i>	CGMCC 3.19498 T	MK289602.1	MK289755.1
<i>F. nanum</i>	CBS 119867	MN170486.1	MN170419.1
<i>F. neoscirpi</i>	CBS 610.95 T	GQ505601.1	GQ505779.1
<i>F. neosemitectum</i>	CBS 189.60 T	MN170489.1	MN170422.1
<i>F. neosemitectum</i>	CBS 190.60	MN170490.1	MN170423.1
<i>F. nothincarnatum</i>	CGMCC 3.24286 T	OQ125147.1	OQ125509.1

<i>F. nothincarnatum</i>	HSL280	OQ177463.1	OQ178711.1
<i>F. pernambucanum</i>	URM 7559 T	LS398489.1	LS398519.1
<i>F. pernambucanum</i>	CBS 132194	MN170492.1	MN170425.1
<i>F. persicinum</i>	CBS 479.83 T	MN170495.1	MN170428.1
<i>F. persicinum</i>	CBS 131780	MN170496.1	MN170429.1
<i>F. rhinolophicola</i>	KUMCC 21-0449 T	OR026001.1	OR025917.1
<i>F. rhinolophicola</i>	KUMCC 21-0448	OR026002.1	OR025918.1
<i>F. ruthhalliae</i>	BRIP 72406h T	OP627085.1	OP627084.1
<i>F. scirpi</i>	CBS 447.84 T	GQ505654.1	GQ505832.1
<i>F. scirpi</i>	CBS 448.84	MN170498.1	MN170431.1
<i>F. serpentinum</i>	CBS 119880 T	MN170499.1	MN170432.1
<i>F. serpentinum</i>	LLC3336	OP487187.1	OP486756.1
<i>F. sulawesiense</i>	InaCC F940 T	LS479443.1	LS479855.1
<i>F. sulawesiense</i>	CBS 122439	MN170504.1	MN170437.1
<i>F. sylviaearleae</i>	BRIP 72816a T	OR269444.1	OR269438.1
<i>F. tanahbumbuense</i>	InaCC F965 T	LS479448.1	LS479863.1
<i>F. tanahbumbuense</i>	CBS 130319	GQ505629.1	GQ505807.1
<i>F. tangerinum</i>	EMCC-F377 T	OP487189.1	OP486758.1
<i>F. tangerinum</i>	LLC3018	OP487188.1	OP486757.1
<i>F. toxicum</i>	CBS 406.86 T	MN170508.1	MN170441.1
<i>F. toxicum</i>	CBS 130385	GQ505663.1	GQ505841.1
<i>F. weifangense</i>	CGMCC 3.24285 T	OQ125107.1	OQ125515.1
<i>F. weifangense</i>	HSL189	OQ177484.1	OQ178662.1
<i>F. wereldwijsianum</i>	CBS 148244 T	MZ921850.1	MZ921718.1
<i>F. wereldwijsianum</i>	CBS 148219	MZ921848.1	MZ921716.1
<i>Fusarium oxysporum</i> species complex (FOSC)			
<i>F. callistephi</i>	CBS 187.53 T	MH484966.1	MH484875.1
<i>F. callistephi</i>	CBS 115423	MH484996.1	MH484905.1
<i>F. carminascens</i>	CBS 144738 T	MH485028.1	MH484937.1
<i>F. carminascens</i>	CBS 144739	MH485025.1	MH484934.1
<i>F. contaminatum</i>	CBS 114899 T	MH484992.1	MH484901.1
<i>F. contaminatum</i>	CBS 111552	MH484991.1	MH484900.1

<i>F. cugenangense</i>	InaCC F984 T	LS479757.1	LS479308.1
<i>F. cugenangense</i>	CBS 130308	MH485011.1	MH484920.1
<i>F. curvatum</i>	CBS 238.94 T	MH484984.1	MH484893.1
<i>F. curvatum</i>	CBS 141.95	MH484985.1	MH484894.1
<i>F. duoseptatum</i>	InaCC F916 T	LS479688.1	LS479239.1
<i>F. duoseptatum</i>	CBS 102026	MH484987.1	MH484896.1
<i>F. elaeidis</i>	CBS 217.49 T	MH484961.1	MH484870.1
<i>F. elaeidis</i>	CBS 218.49	MH484962.1	MH484871.1
<i>F. fabacearum</i>	CBS 144743 T	MH485030.1	MH484939.1
<i>F. fabacearum</i>	NRRL 36113	OP487294.1	LS479217.1
<i>F. glycines</i>	CBS 144746 T	MH485033.1	MH484942.1
<i>F. glycines</i>	CBS 144745	MH485032.1	MH484941.1
<i>F. gossypinum</i>	CBS 116613 T	MH485000.1	MH484909.1
<i>F. gossypinum</i>	CBS 116611	MH484998.1	MH484907.1
<i>F. grosMichelii</i>	InaCC F833 T	LS479744.1	LS479295.1
<i>F. grosMichelii</i>	GDGZP11-2-2	OL771389.1	OL771381.1
<i>F. hexaseptatum</i>	InaCC F866 T	LS479805.1	LS479359.1
<i>F. hoodiae</i>	CBS 132474 T	MH485020.1	MH484929.1
<i>F. hoodiae</i>	CBS 132477	MH485022.1	MH484931.1
<i>F. houttuyniae</i>	GUCC 21004 T	OM863574.1	OP621328.1
<i>F. houttuyniae</i>	GUCC 21008	OP295697.1	OP699669.1
<i>F. inflexum</i>	CBS 716.74 T	AF008479.1	JX171583.1
<i>F. inflexum</i>	NC25_PITA_Finf	OP273154.1	OP273104.1
<i>F. kalimantanense</i>	InaCC F917 T	LS479690.1	LS479241.1
<i>F. kalimantanense</i>	InaCC F918	LS479691.1	LS479242.1
<i>F. languescens</i>	CBS 645.78 T	MH484971.1	MH484880.1
<i>F. languescens</i>	CBS 119796	MH485008.1	MH484917.1
<i>F. libertatis</i>	CBS 144749 T	MH485035.1	MH484944.1
<i>F. libertatis</i>	CBS 144747	MH485024.1	MH484933.1
<i>F. liriopes</i>	GUCC 21004 T	OM863574.1	OP621328.1
<i>F. liriopes</i>	GUCC 21009	OP295698.1	OP726906.1
<i>F. menglaense</i>	KUMCC 21-0717 T	OR025999.1	OR025915.1

<i>F. menglaense</i>	KUMCC 21-0718	OR026000.1	OR025916.1
<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 840.88 T	MH484978.1	MH484887.1
<i>F. nirenbergiae</i>	CBS 130301	MH485017.1	MH484926.1
<i>F. odoratissimum</i>	InaCC F822 T	LS479828.1	LS479386.1
<i>F. odoratissimum</i>	CBS 102030	MH484989.1	MH484898.1
<i>F. oxysporum</i>	CBS 144134 T	MH485044.1	MH484953.1
<i>F. oxysporum</i>	CBS 144135	MH485045.1	MH484954.1
<i>F. oxysporum f.sp. dactyliferae</i>	FMBCC 12.1 T	OP342612.1	OP234307.1
<i>F. oxysporum f.sp. dactyliferae</i>	FMB-FO-PD-011	OP342613.1	OP234308.1
<i>F. pharetrum</i>	CBS 144751 T	MH485043.1	MH484952.1
<i>F. pharetrum</i>	CBS 144750	MH485042.1	MH484951.1
<i>F. phialophorum</i>	InaCC F971 T	LS479741.1	LS479292.1
<i>F. phialophorum</i>	CBS 102023	LS479664.1	LS479216.1
<i>F. queenslandicum</i>	BRIP 70769a T	MW038834.1	MW038833.1
<i>F. sangayamense</i>	InaCC F960 T	OP487297.1	LS479283.1
<i>F. sangayamense</i>	InaCC F961	LS479733.1	LS479284.1
<i>F. tardichlamydosporum</i>	InaCC F958 T	LS479729.1	LS479280.1
<i>F. tardichlamydosporum</i>	InaCC F957	LS479728.1	LS479279.1
<i>F. triseptatum</i>	CBS 258.50 T	MH484964.1	MH484873.1
<i>F. triseptatum</i>	CBS 130302	MH485015.1	MH484924.1
<i>F. vanleeuwenii</i>	CBS 148372 T	MZ921896.1	MZ921765.1
<i>F. vanleeuwenii</i>	JW 10001	MZ921890.1	MZ921759.1
<i>F. veterinarium</i>	CBS 109898 T	MH484990.1	MH484899.1
<i>F. veterinarium</i>	CBS 117787	MH485003.1	MH484912.1

CAPÍTULO III

Conclusões Gerais

CONCLUSÕES GERAIS

1. Existem uma grande diversidade de espécies de fungos fusarioides causando podridão em frutos de tomate;
2. As regiões *TEF1* e *RPB2* não foram suficientes para a identificação precisa de espécies dentro do complexo de espécies *Fusarium oxysporum*;
3. As espécies *Fusarium spinosum*, *Fusarium caatingaense*, *Fusarium sulawesiense*, *Fusarium compactum*, *Fusarium languescens*, *Neocosmospora falciformis* e *Neocosmospora solani* são responsáveis por causar podridão em tomates, mais espécies não identificadas de FOOSC;
4. As espécies *Fusarium compactum*, *Fusarium spinosum*, *Fusarium caatingaense* e *Fusarium sulawesiense* são as espécies mais agressivas em frutos de tomate.
5. Este é o primeiro relato no mundo de *Neocosmospora falciformis*, *Fusarium spinosum*, *Fusarium caatingaense*, *Fusarium sulawesiense*, *Fusarium compactum* e *Fusarium languescens* associados a podridão em frutos de tomate.