

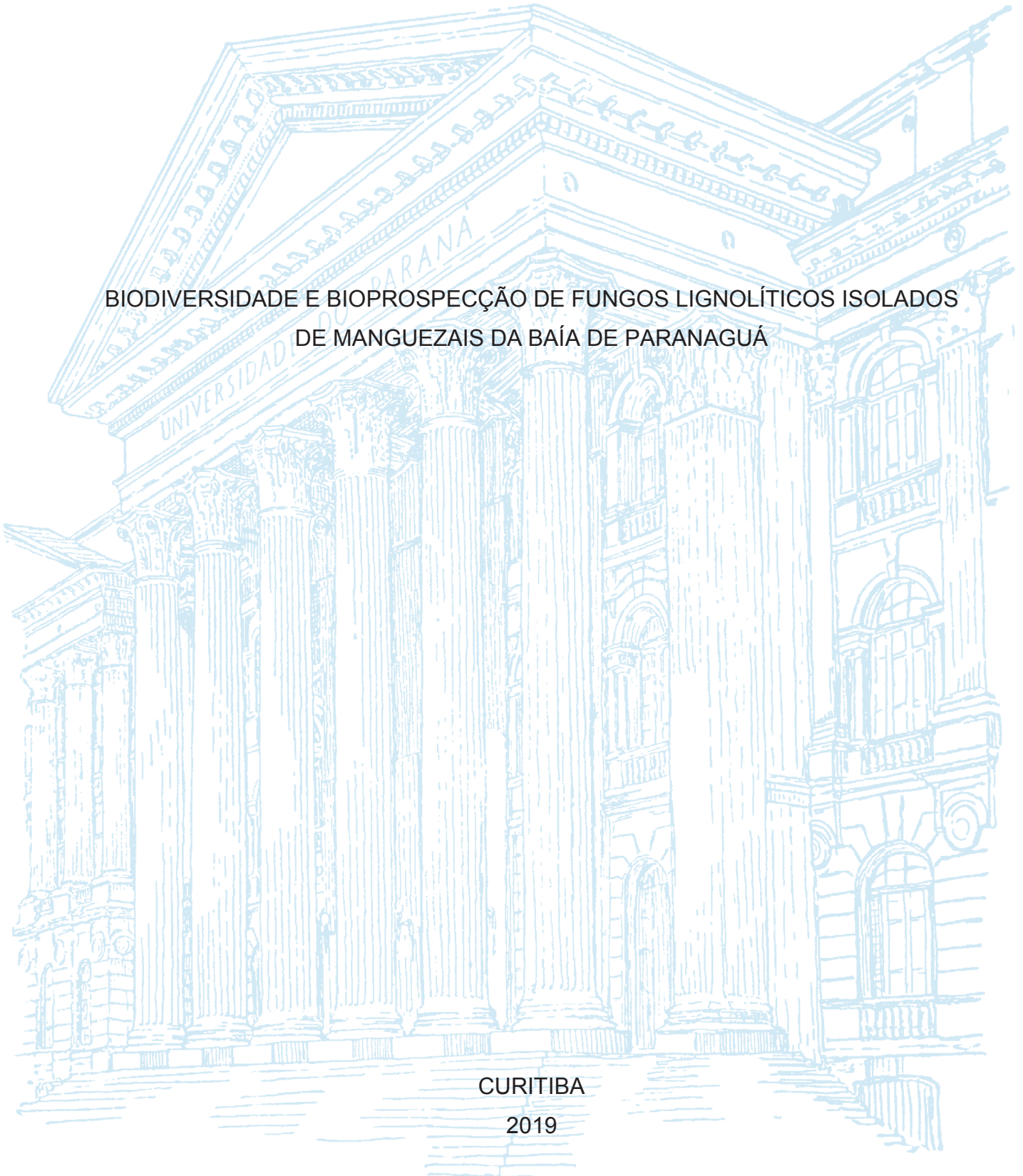
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

KASSIELY ZAMARCHI

BIODIVERSIDADE E BIOPROSPECÇÃO DE FUNGOS LIGNOLÍTICOS ISOLADOS
DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ

CURITIBA

2019



KASSIELY ZAMARCHI

BIODIVERSIDADE E BIOPROSPECÇÃO DE FUNGOS LIGNOLÍTICOS ISOLADOS
DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ

Dissertação apresentada ao curso de Pós-Graduação em Microbiologia, Parasitologia e Patologia, Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Microbiologia.

Orientadora: Profa. Dra. Renata Rodrigues Gomes

Coorientadora: Profa. Dra. Vania Aparecida Vicente

CURITIBA

2019

Universidade Federal do Paraná. Sistema de Bibliotecas.
Biblioteca de Ciências Biológicas.
(Dulce Maria Bieniara – CRB/9-931)

Zamarchi, Kassiely

Biodiversidade e bioprospecção de fungos lignolíticos isolados de manguezais da baía de Paranaguá. / Kassiely Zamarchi. – Curitiba, 2019.
112 p.: il.

Orientadora: Renata Rodrigues Gomes

Coorientadora: Vania Aparecida Vicente

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Microbiologia, Parasitologia e Patologia.

1. Manguezais 2. Biodiversidade 3. Enzimas de fungos 4. Lacase I.
Título II. Gomes, Renata Rodrigues III. Vicente, Vania Aparecida IV.
Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Microbiologia, Parasitologia e Patologia.

CDD (20. ed.) 589.2



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO MICROBIOLOGIA,
PARASITOLOGIA E PATOLOGIA - 40001016044P0

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em MICROBIOLOGIA, PARASITOLOGIA E PATOLOGIA da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da dissertação de Mestrado de **KASSIELY ZAMARCHI** intitulada: **Biodiversidade e Bioprospecção de Fungos Lignolíticos Isolados de Manguezais da Baía de Paranaguá**, após terem inquirido a aluna e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua aprovação no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 11 de Março de 2019.

RENATA RODRIGUES GOMES
Presidente da Banca Examinadora (UFPR)

DIOGO ROBL
Avaliador Externo (UFSC)

DANYELLE STRINGARI
Avaliador Externo (UNESPAR)

AGRADECIMENTOS

Agradeço as pessoas mais importantes da minha vida, meu pai Selson, minha mãe Celi e meu irmão Marcel. Estou convicta que o meu amor pela ciência vem de ouvir inúmeras vezes as frases: “Deu certo hein, anotou pra repetir nas próximas?” ou então, “Uhum, e o que você aprendeu com isso?”

Agradeço ao meu namorado Cid por, de um modo muito bom, não ter permitido que esses dois anos fossem de dedicação exclusiva, e sim parte da minha vida. Agradeço a saudade, o abraço, a compreensão s2

Agradeço a Renata, desde então mamãe do Rael, minha mais que orientadora alguém que tenho a ousadia de chamar de amiga. Agradeço por todo carinho, apoio e claro pelos “bolo de milho”.

Agradeço a Gabi, pessoa mais que extraordinária! Alguém com espírito bom, coração bom, dedicada, amiga, companheira. Obrigada por toda ajuda, paciência, conversas. Obrigada pelos dias leves!

Agradeço a profa Vania pela oportunidade e por ter permitido que a Renata me orientasse.

Quero fazer um agradecimento especial ao prof. Diogo e as alunas dele, Rafa, Beatriz e Aline por terem me ensinado parte desse trabalho.

Agradeço a todas do LabMicro pela ajuda e pelos momentos de descontração. Muito obrigada!

Agradeço também ao Programa de Pós-graduação, a UFPR e a Capes pela concessão da Bolsa.

Sorrir, chorar e ter alguém pra compartilhar sempre
Viver para alguém que te ama e dividir sempre
Felicidade e amor...

RESUMO

O manguezal é um ecossistema estuarino que promove a proteção da costa além de funcionar como nicho ecológico para uma ampla fauna associada. A elevada diversidade microbiana atua na manutenção de um ecossistema saudável por meio de da ciclagem de nutrientes. Desse modo os fungos participam ativamente nos ciclos biogeoquímicos, principalmente na ciclagem de carbono. Contudo, os dados sobre a comunidade fúngica existente são escasso, dessa forma estudos que visem o conhecimento da diversidade fúngica associada a este ambiente bem como avaliar o potencial biotecnológico desses microrganismos é de grande importância, especialmente dado o impacto antropogênico que esse ecossistema vem sofrendo. As enzimas oxidativas extracelulares oriundas do metabolismo fúngico estão envolvidas na degradação da lignina, um composto recalcitrante presente no material vegetal e devido à baixa especificidade enzimática pelo substrato, estas enzimas são amplamente aplicadas em processos biotecnológicos. Compreendendo a importância ecológica dos fungos no ecossistema o presente estudo visa identificar molecularmente a comunidade fúngica associada ao sedimento de manguezais da Baía de Paranaguá – PR, bem como avaliar a atividade lignolítica da mesma, por meio de da síntese de lacase, lignina e manganês peroxidase visando o potencial biotecnológico. Os resultados indicaram que o sedimento de manguezal abriga uma comunidade fúngica taxonomicamente diversa, uma vez que foram identificados por análise filogenética de 68 morfotipos, 44 gêneros distribuídos em 39 famílias, destacando algumas espécies como inéditas em sedimento de manguezal. Dos 68 morfotipos submetidos à seleção qualitativa quanto à síntese enzimática, 36 apresentaram atividade positiva, destacando a via da lacase como predominante. Dos 36 positivos, 14 foram cultivados em I) meio líquido a base de farelo de trigo para produção enzimática e II) meio líquido para descoloração do corante RBBR. A atividade enzimática da lacase foi à única detectada em oito linhagens, revelando *Nigrograna mackinnonii*, *Epicoccum* sp. e *Xylomelasma* sp. como os melhores produtores em 168h. A descoloração do corante têxtil remazol azul brilhante R (RBBR) foi observada em 10 linhagens avaliadas apresentando aumento significativo de 144h para 192h, destacando *Epicoccum* sp., *Cytospora* sp., e *Austropleospora* sp. Os dados obtidos nesta pesquisa revelam que o sedimento de manguezal abriga alta diversidade genética, fato imprescindível para a manutenção de um ecossistema em equilíbrio. Além disso, apresenta uma comunidade fúngica pouco explorada na área biotecnológica, a qual pode configurar como fonte genética de novos compostos.

Palavras-chave: Manguezal. Biodiversidade. Enzimas Lignolíticas. Lacase.

ABSTRACT

The mangrove is an estuarine ecosystem that promotes coastal protection and roles as ecological niche for a wide associated fauna. The high microbial diversity play a role in the maintenance of a ecosystem through the nutrients cycling. Thereby, the fungi participate in the biogeochemical cycles mainly in the carbon cycling. However, research on the existing fungal community are unusual, so studies aimed at understanding the fungal diversity linked with this ecosystem as well as evaluating the biotechnological potential of these microorganisms are of great importance, especially because the anthropogenic impact in this ecosystem. Extracellular oxidative enzymes derived from fungal metabolism are involved in the lignin degradation, a recalcitrant compound present in plant material. Furthermore, due to the low enzymatic specificity of the substrate these enzymes are widely applied in biotechnological processes. Understanding the ecological importance of microbiota fungal in this ecosystem, the present study aims to identify the fungal community associated with the Paranagua Bay's mangrove sediment by molecular tools as well as to evaluate the lignolytic activity of the same, through the laccase, lignin and manganese peroxidase synthesis aiming the possible biotechnological potential. The results indicated that the mangrove sediment is composed by a diverse fungal community. Through the phylogenetic analysis were identified 68 morphotypes and 44 genera distributed in 39 families, highlighting some species as unprecedented in this sediment. Of the 68 morphotypes used to qualitative selection for enzymatic synthesis, 36 presented positive results, highlighting the laccase pathway as predominant. Of the 36 positives fungi for enzymatic synthesis, 14 were cultured in wheat bran liquid medium for enzymatic production (I) and liquid medium for discoloration of the RBBR dye (II). The laccase enzymatic activity was detected in eight strains, demonstrating as best producers the species *Nigrograna mackinnonii*, *Epicoccum* sp. and *Xylomelasma* sp. in 168h. The RBBR discoloration was observed in 10 fungi evaluated presented increased significant from 144h to 192h, highlighting the genera *Epicoccum* sp., *Cytospora* sp., and *Austropleospora* sp. The data obtained in this research reveal that the mangrove sediment harbors a high genetic diversity in fungi microbiota, an essential fact for the maintenance of an ecosystem in equilibrium. In addition, it presents a fungal community little explored, which could be a genetic unexplored source of new compounds.

Keywords: Mangrove. Biodiversity. Lignolytic enzymes. Laccase.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 – DESENHO REPRESENTATIVO DO ECOSSISTEMA DE MANGUEZAL	19
FIGURA 2 – MOLÉCULA DE LIGNINA E CICLO CATALÍTICO DE ENZIMAS LIGNOLÍTICAS	22
FIGURA 3 – LINHAGENS REPRESENTATIVAS DE ATIVIDADE ENZIMÁTICA.	57
FIGURA 4 – LINHAGENS REPRESENTATIVAS DA ATIVIDADE DE DESCOLORAÇÃO	62

LISTA DE GRÁFICOS

GRÁFICO 1 – PRODUÇÃO ENZIMÁTICA DE LACASE EM CULTIVO SUBMERSO	60
GRÁFICO 2 – DESCOLORAÇÃO DO RBBR EM CULTIVO SUBMERSO	62
GRÁFICO 3 – ATIVIDADE ENZIMÁTICA DE LACASE NA PRESENÇA DO CORANTE RBBR.....	63

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 – OLIGONUCLEOTÍDEOS INICIADORES E CONDIÇÕES DE AMPLIFICAÇÃO UTILIZADAS	27
TABELA 2 – FUNGOS IDENTIFICADOS NO SEDIMENTO DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ	35

LISTA DE ABREVIATURAS OU SIGLAS

BT2	- β -tubulina
CMRP	- Coleção Microbiológica da Rede Paranaense
E.C.	- Comissão de Enzimas
GPDH	- Gliceraldeído-3-fosfato Desidrogenase
ITS	- Espaçadores Internos Transcritos
p.e.	- por exemplo
RPB2	- Segunda Subunidade Maior da Polimerase II
TEF1 α	- Fator de Elongação da Transcrição
HPA's	- Hidrocarbonetos Policíclico Aromáticos
RBBR	- Remazol Azul Brihante R

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	16
2 OBJETIVOS	18
2.1 GERAL	18
2.2 ESPECÍFICOS	18
3 REVISÃO DE LITERATURA	19
3.1 MANGUEZAL	19
3.2 FUNGOS E AS ENZIMAS LIGNOLÍTICAS	21
3.3 APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS DE ENZIMAS LIGNOLÍTICAS	23
4 METODOLOGIA	26
4.1 MATERIAL BIOLÓGICO	26
4.2 IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR	26
4.2.1 Extração de DNA.....	26
4.2.2 Protocolo de PCR e Sequenciamento	27
4.2.3 Alinhamento e Análise Filogenética	28
4.3 ATIVIDADE ENZIMÁTICA.....	29
4.3.1 Seleção Qualitativa	29
4.3.2 Produção Enzimática em Cultivo Submerso	29
4.3.3 Dosagem Enzimática.....	30
4.3.4 Determinação de Proteínas Totais	31
4.3.5 Descoloração do Azul de Remazol Brilhante R em Cultivo Submerso.....	31
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
5.1 ANÁLISE FILOGENÉTICA	32
5.1.1 Ordem Capnodiales	32
5.1.2 Ordem Pleosporales.....	33
5.1.3 Ordem Chaetothyriales	41
5.1.4 Ordem Eurotiales	42
5.1.5 Ordem Saccharomycetales	43
5.1.6 Ordem Coniochaetales.....	43
5.1.7 Ordem Diaporthales	44
5.1.8 Ordem Hypocreales	45
5.1.9 Ordem Taxonomicamente Indefinida	50

5.1.10 Ordem Microascales.....	50
5.1.11 Ordem Phomatosporales.....	51
5.1.12 Ordem Sordariales	52
5.1.13 Ordem Xylariales.....	52
5.1.14 Classe Agaricomycetes	54
5.1.15 Diversidade Fúngica.....	55
5.2 ATIVIDADE ENZIMÁTICA.....	56
5.2.1 Seleção Qualitativa	56
5.2.2 Produção Enzimática em Cultivo Submerso	59
5.2.3 Descoloração do Azul de Remazol Brilhante R em Cultivo Submerso.....	62
6 CONCLUSÃO	66
REFERÊNCIAS.....	67
APÊNDICE 1 – LINHAGENS DE REFERÊNCIA ANÁLISADAS	82
APÊNDICE 2 – MEIOS DE CULTURA.....	<u>96</u>
APÊNDICE 3 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM CAPNODIALES	97
APÊNDICE 4 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PLEOSPORALES 1	98
APÊNDICE 5 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PLEOSPORALES 2	99
APÊNDICE 6 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PLEOSPORALES 3	100
APÊNDICE 7 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM CHAETOTHYRIALES.....	101
APÊNDICE 8 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM EUROTIALES 1.....	102
APÊNDICE 9 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM EUROTIALES 2.....	103
APÊNDICE 10 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM SACCHAROMYCETALES E CONIOCHAETALES.....	104
APÊNDICE 11 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM DIAPORTHALES	105
APÊNDICE 12 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 1	106
APÊNDICE 13 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 2	107
APÊNDICE 14 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 3	108
APÊNDICE 15 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 4 E TAXONOMICAMENTE INDEFINIDA.....	109
APÊNDICE 16 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM MICROASCALES.....	110
APÊNDICE 17 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PHOMATOSPORALES E SORDARIALES	111
APÊNDICE 17 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM XYLARIALES 1	112

APÊNDICE 29 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM XYLARIALES 2	113
APÊNDICE 20 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM POLYPORALES.....	114
APÊNDICE 21 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM RUSSULALES	115

1 INTRODUÇÃO

O ecossistema de manguezal configura entre um dos mais produtivos em todo mundo, pois abriga grande diversidade genética de diferentes grupos de organismos aquáticos e terrestres o que implica em um elevado valor ecológico (THATOI et al., 2013). Por estar na confluência entre o ambiente terrestre e o marinho, o sedimento é lodoso, pouco oxigenado e apresenta elevada concentração de matéria orgânica oriunda da decomposição de plantas, animais e de material alóctone trazido diariamente pela ação das marés (ALONGI, 2002).

A gama de microrganismos existentes no sedimento do manguezal participa ativamente da ciclagem de nutrientes no ecossistema, principalmente na solubilização do fosfato (VAZQUEZ et al., 2000) e na degradação da lignocelulose, implicando diretamente no ciclo do carbono (ALSHEIKH-HUSSAIN; ALTENAIJI; YOUSEF, 2014). Neste contexto, o papel dos fungos está em iniciar a degradação, pela quebra da lignocelulose que compõe a parede celular das plantas, por meio de da secreção de enzimas extracelulares (MATONDKAR; MAVINKURVE, 1981; HARTIKAINEN; HATAKKA; KAHKONEN, 2013). As enzimas que atuam degradando a lignina são denominadas enzimas lignolíticas. Tais enzimas extracelulares oxidativas sintetizadas por fungos são denominadas de a) heme-peroxidases: grupo enzimático composto principalmente pela lignina peroxidase (EC 1.11.1.14) e manganês peroxidase (EC 1.11.1.13) e b) fenol oxidase: grupo representado pela lacase (EC 1.10.3.2) (CHEN et al., 2011). A lignina é uma macromolécula fenólica e recalcitrante, os fungos capazes de sintetizarem enzimas para degradá-la desempenham importante papel ecológico dentro dos ecossistemas, pois participam como parte do ciclo do carbono. De modo geral as enzimas extracelulares atuam em ciclos catalíticos oxidando o substrato, levando a formação de compostos de menor peso molecular passíveis de serem absorvidos pelas hifas e utilizados pelo metabolismo celular, bem como tornando este composto acessível para outros microrganismos (AGUIAR; FERRAZ, 2011; KELLNER et al., 2014).

Apesar do elevado valor ecológico o manguezal sofre ações antrópicas negativas que afetam principalmente a biodiversidade local. Os impactos antropogênicos que afetam a diversidade e/ou a funcionalidade da microbiota de solos de manguezal podem influenciar tanto a dinâmica de ciclagem de nutrientes,

incluindo a degradação da lignocelulose, comprometendo o ciclo do carbono e a qualidade do solo, quanto afetar níveis tróficos superiores (HOLGUIN; VAZQUEZ; BASHAN, 2001; SANTOS et al., 2011).

Zamarchi (2016) avaliou a microbiota fúngica de sedimento de manguezal da Baía de Paranaguá – PR e constataram um declínio na abundância de fungos do gênero *Aspergillus* e *Penicillium* em manguezal próximo a áreas residenciais quando comparado com manguezal inserido em área de preservação ambiental. Dado que espécies destes gêneros são relatadas como solubilizadoras de fosfato no ecossistema, a redução numérica de espécies importantes foi relatada pelos autores como um possível indício na modificação da funcionalidade do ambiente. Além disso, os autores também relatam o isolamento da levedura *Kluyveromyces aestuarii* apenas no manguezal inserido em área de preservação ambiental corroborando com dados obtidos por Araújo e Hagler (2011) na Baía de Guanabara – RJ.

As heme-peroxidases e a lacase são descritas como capazes de oxidar uma gama de compostos fenólicos, dado que apresentam pouca especificidade pelo substrato a ser oxidado o que as torna passíveis de degradarem compostos que apresentem estrutura química semelhante a da lignina, desta forma são amplamente estudadas para fins de biorremediação de áreas poluídas por hidrocarbonetos policíclicos aromáticos - PAH (LEE et al., 2014; WINQUIST et al., 2014); óleos e seus derivados (AMEEN et al., 2016; ALMEIDA et al., 2017), biodegradação de corantes de efluentes da indústria têxtil (MARTINS et al., 2002; VAITHANOMSAT et al., 2010; VERMA et al., 2010) e processos de bio-deslignificação, como a despolpação de frutas e degradação de resíduos agrícolas (KNEZÉVIC et al., 2013).

Apesar da importância fúngica no sedimento de manguezal ser reconhecida (ALONGI, 2002; THATOI et al., 2013) esse ambiente sofre com inúmeras formas de impacto ambiental, desta forma o conhecimento da comunidade fúngica pertencente ao sedimento do manguezal se torna pertinente tanto para subsidiar o entendimento do seu papel no ecossistema de um modo biológico, diversidade/ funcionalidade das espécies, quanto quais enzimas estão sendo sintetizadas neste ambiente. Tendo em vista todas as aplicações biotecnológicas supracitadas para as enzimas lignolíticas o manguezal é um ambiente potencial na obtenção de novas espécies com níveis de produção enzimática que visem melhorar e ampliar processos biotecnológicos.

2 OBJETIVOS

2.1 GERAL

Identificar molecularmente a comunidade fúngica associada ao sedimento de áreas de manguezais da Baía de Paranaguá – PR, bem como avaliar o potencial biotecnológico da mesma por meio da síntese enzimática de heme-peroxidases e de lacase.

2.2 ESPECÍFICOS

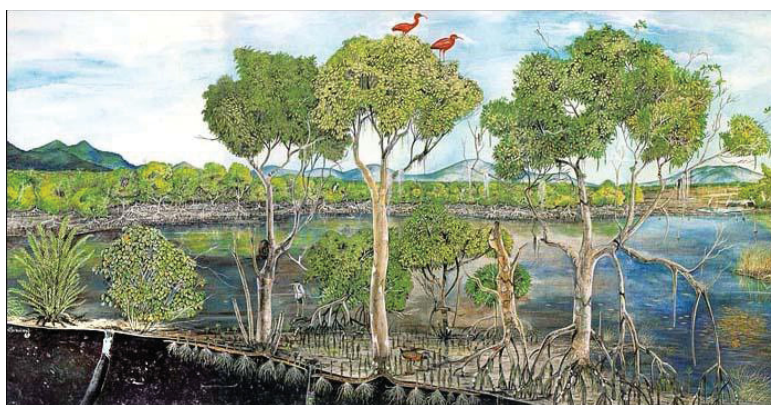
- Identificar os fungos filamentos isolados do sedimento por meio do sequenciamento gênico;
- Selecionar qualitativamente os isolados fúngicos quanto a síntese de heme-peroxidases e lacase *in vitro*;
- Avaliar quantitativamente isolados fúngicos quanto à produção enzimática de heme-peroxidases e lacase em cultivo submerso;
- Avaliar o potencial biotecnológico dos isolados fúngicos quanto à capacidade de degradar corante têxtil.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 MANGUEZAL

O manguezal é um ecossistema estuarino que se desenvolve nas zonas tropicais e subtropicais do mundo (GIRI et al., 2010). Este ambiente é caracterizado pelo sedimento lodoso e por espécies de gimnospermas adaptadas, assim como a fauna associada, as variações diárias de maré e salinidade (FIGURA 1) (ALONGI, 2002; THATOI et al., 2013).

FIGURA 1 – DESENHO REPRESENTATIVO DO ECOSSISTEMA DE MANGUEZAL



FONTE: Disponível em: <https://www.biodersongrapiuna.blogspot.com>. Acesso em 23-02-2019.

O manguezal é amplamente estudado quanto a sua importância biológica, dentre as quais se podem destacar: (I) contribui para a estabilização da costa, pois as raízes de mangue atuam como filtros retendo grande quantidade de sedimento e detritos trazidos pela ação das marés (GHOSH et al., 2010); (II) possui elevado teor de matéria orgânica, a qual é continuamente disponibilizada para as regiões adjacentes servindo como base para cadeia trófica costeira (THATOI et al., 2013); (III) é o nicho ecológico de grande diversidade faunística, seja de espécies residentes ou migratórias (GIRI et al., 2010); (IV) a diversidade microbiana é atuante nos ciclos biogeoquímicos promovendo a ciclagem de nutrientes dentro do ecossistema (ANDREOTE et al., 2012).

Apesar de ser reconhecido como um ambiente produtivo e de elevada importância ambiental, também é pertinente ressaltar que há muitos anos este ecossistema vem sendo negligenciado e continuamente explorado seja pela

população costeira na retirada de recursos naturais, seja pelo setor industrial ou portuário para instalação e/ou ampliação de terminais e demais instalações voltadas ao desenvolvimento econômico (CASTELLA et al., 2006; GIRI et al., 2010).

A característica lodosa do solo do manguezal se dá pela alta deposição de matéria orgânica oriunda tanto do ambiente terrestre quanto aquático, de modo que o sedimento se torna anóxico com o aumento da profundidade, sendo assim a via de respiração anaeróbica se sobressai à custa de moléculas de sulfato disponíveis (ARFI et al., 2012; THATOI et al., 2013). A matéria orgânica é composta principalmente por material de origem vegetal. A comunidade fúngica existente tem como função decompor o material lignocelulótico em substâncias de menor peso molecular, obtendo desse modo energia para o metabolismo próprio, bem como torna essas substâncias disponíveis para organismos cujo habitat sejam ecossistemas adjacentes ao limite do bosque de mangue (ARFI et al., 2012; THATOI et al., 2013; ALSHEIKH-HUSSAIN et al., 2014).

De maneira geral os estudos envolvendo a bioprospecção da diversidade fúngica em manguezal tratam principalmente de fungos endofíticos muitas vezes correlacionando determinados gêneros fúngicos e sua particular afinidade com uma determinada espécie de mangue (LIU et al., 2012; COSTA; MAIA; CAVALCANTI 2012; SEBASTIANES et al., 2013) ou de basidiomicetos associados à madeira em decomposição (KHAN; MANIMOHAN, 2011; NOGUEIRA-MELO; SANTOS; GIBERTONI, 2017), havendo ainda um maior desprendimento de tempo e de recursos centralizados em manguezais cronicamente contaminados, principalmente por diferentes classes de hidrocarbonetos (SILVA et al., 2003; GOMES; CAVALVANTI; PASSAVANTE, 2011; GHIZELINI; MENDONÇA-HAGLER; MACRAE, 2012; FASANELLA et al., 2012). Todavia, por meio de investigação metagenômica inúmeros gêneros fúngicos têm sido relatados em sedimento de manguezais buscando suprir não só a lacuna relacionada com a biodiversidade, mas também a da funcionalidade, investigando a presença de determinados genes sabidamente relacionados com vias de síntese enzimática (THOMPSON et al., 2013; SIMÕES et al., 2015).

Por meio de isolamento clássico, vários gêneros relatados como comuns em ambiente de manguezal num contexto mundial, foram identificados em manguezais brasileiros, incluindo espécies descritas como geograficamente inéditas (GOMES;

CAVALCANTI; PASSAVANTE et al., 2011) e associando a queda na abundância de determinados gêneros notoriamente constantes com possíveis intervenções antrópicas negativas nesse ecossistema (ZAMARCHI, 2016).

Ainda que o papel da microbiota esteja claramente relatado em qualquer ecossistema, o ambiente de manguezal necessita de uma melhor caracterização de sua comunidade microbiana, principalmente no que diz respeito aos fungos. Tal conhecimento visa ampliar não só a compreensão das características biológicas do manguezal, no que diz respeito à ciclagem de compostos orgânicos presentes, mas também a busca por novas fontes enzimáticas visto que microrganismos de ambientes extremos possuem um leque enzimático, muitas vezes único se mostrando potencialmente interessantes no setor biotecnológico (GAO et al., 2010). Esse banco genético em potencial, principalmente no contexto brasileiro precisa ser mais bem investigado e explorado.

3.2 FUNGOS E AS ENZIMAS LIGNOLÍTICAS

A parede celular das plantas é composta essencialmente por celulose, hemicelulose e lignina. A celulose é um polímero linear, constituído exclusivamente por moléculas de anidro-glicose unidas por ligações β -(1,4)-glicosídicas, formando a fibrila elementar que é insolúvel em água e apresenta alto grau de cristalinidade. Uma estrutura composta por quatro fibrilas é agrupada por uma monocamada de hemicelulose, esta por sua vez é um polissacarídeo variável composto por glicose, manose, galactose, xilose e arabinose. Esta monocamada é então circundada em uma matriz de hemicelulose e lignina formando a microfibrila celulósica (CARVALHO et al., 2009; AGUIAR; FERRAZ, 2011; MANAVALAN; MANAVALAN; HEESE, 2014).

A lignina é uma macromolécula fenólica complexa, formada da junção oxidativa de três precursores monoméricos, os alcoóis *p*-cumarílico, coniferílico e sinapílico. A partir de cada álcool precursor se forma uma unidade básica nomeada de acordo com a substituição do radical metoxilo dos anéis aromáticos: (I) *p*-hidróxi-fenil ou H: composto não metoxilado derivado do álcool *p*-cumarílico; (II) guaiacil ou G: composto por um radical metoxilo derivado do álcool coniferílico; e (III) siringil ou S: composto por dois radicais metoxilo derivados do álcool sinapílico (FIGURA 2A). Os tipos de acoplamentos que podem ocorrer entre as unidades básicas envolvem

aromática (APO - EC 1.11.2.1), as celulases e as hemicelulases (CHEN et al., 2011; KELLNER et al., 2014; JANUSZ et al., 2017).

O ciclo catalítico das heme-peroxidases ocorre como ilustrado na figura 2B, na qual o ciclo da manganês peroxidase está sendo utilizado como modelo (C0 – C1 – CII). Inicialmente, a enzima em sua forma nativa é ativada pela oxidação do peróxido de Hidrogênio (H_2O_2) levando a formação de um composto intermediário deficiente em 2 elétrons, denominado Composto I. No caso das LiPs, a redução de C1 a CII e de CII a C0 pode ocorrer por meio da oxidação de substratos fenólicos e não fenólicos – clivando ligações C-C e C-O-C-, tendo o resíduo de triptofano (trp171) invariável atuando na transferência de elétrons do substrato aromático levando à formação de radicais cátion. No caso das MnPs o composto I pode ser reduzido a composto II à custa da oxidação direta de uma estrutura fenólica ou de um átomo de Mn^{2+} , contudo o íon Mn^{2+} parece ser a via preferencial de transferência de elétrons. O Composto II (Mn^{3+}) formado é bastante reativo, e é normalmente estabilizado por quelantes produzidos pelo próprio fungo, como o ácido oxálico. O complexo Mn^{3+} - oxalato pode ser reduzido à custa da oxidação de outra estrutura fenólica ou gerar outros compostos oxidantes que possam clivar estruturas não fenólicas levando a redução de CII a C0. O peróxido utilizado pelas peroxidases como gatilho inicial do ciclo é oriundo de enzimas intracelulares acessórias como glicose-oxidase, metanol-oxidase e oxalato-oxidase, a qual pode gerar H_2O_2 a partir da oxidação de ácido oxálico envolvido na neutralização do Composto II da MnP e de algumas enzimas extracelulares como a glioxal-oxidase e a aril-álcool-oxidase (HAMMEL; CULLEN, 2008; AGUIAR; FERRAZ, 2011).

As lacases são metaloproteínas uma vez que contêm quatro átomos de cobre no sítio catalítico, sendo também denominadas oxidases multi-cobre azuis (JANUSZ et al., 2017). No ciclo catalítico das lacases ocorre a abstração de um elétron de substratos fenólicos, em função da redução de Cu^{2+} a Cu^{1+} que, por sua vez, reduz O_2 a H_2O ou pela oxidação de estruturas não fenólicas por meio da oxidação de alguns mediadores como os derivados do ácido benzóico e íons Mn^{2+} (AGUIAR; FERRAZ, 2011).

3.3 APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS DE ENZIMAS LIGNOLÍTICAS

As enzimas lignolíticas atuam na degradação de vários compostos recalcitrantes, principalmente a lacase dado que são capazes de oxidar diversas substâncias aromáticas, pois são moderadamente ativadas por substituintes doadores de elétrons (HAMMEL; CULLEN, 2008). Assim sendo o potencial uso dos fungos para aplicações industriais como biodegradação de corantes de efluentes têxteis (MARTINS et al., 2002; VAITHANOMSAT et al., 2010; VERMA et al., 2010), bio-deslignificação de resíduos agrícolas e despolação de frutas (KNEZÉVIC et al., 2013) e na biorremediação de áreas contaminadas por hidrocarbonetos policíclicos aromáticos - PAH (LEE et al., 2014; WINQUIST et al., 2014); óleos e seus derivados (AMEEN et al., 2016; ALMEIDA et al., 2017) tem sido investigado.

Os corantes utilizados pela indústria têxtil estão entre os compostos xenobióticos com alto potencial poluidor dado que além do caráter tóxico, impedem a passagem de luz nos corpos d'água, levando ao desequilíbrio da cadeia trófica. Corantes de natureza antraquinônica, ou seja, compostos solúveis em água derivados do antraceno é o segundo grupo de corantes mais utilizados pela indústria dado que apresenta estabilidade em meios ácidos e básicos e resistência a oxidação química. Esta última característica implica diretamente na remoção desses poluentes dos corpos d'água, uma vez que tratamentos convencionais de resíduos normalmente são de alto custo. Dessa maneira, a estratégia para eliminar a cor e reduzir o seu efeito contaminante sobre os corpos de água naturais é de significativa importância (MEMON; MEMON, 2012; ISAH et al., 2015).

Fungos isolados da madeira de manguezais na Índia foram avaliados quanto à capacidade de degradarem efluentes têxteis pelo emprego de enzimas lignolíticas. Os gêneros *Corioloopsis*, *Diaporthe* e *Pestalotiopsis* foram listados como potenciais degradadores desses efluentes. (VERMA et al., 2010). Além disso, o uso direto da lacase fúngica produzida pelo basidiomiceto *Trametes pubescens* revelou que o emprego de enzimas lignolíticas na biotransformação de efluentes têxteis configura como uma alternativa viável dado que os produtos da biotransformação do RBBR mostraram menor fitotoxicidade (OSMA; TOCA-HERRERA; RODRÍGUEZ-COUTO, 2010).

Lee et al. (2014) testaram e identificaram 150 fungos da degradação branca quanto sua capacidade de degradar hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (PAHs) via enzimas lignolíticas. Os fungos *Phanerochaete chrysosporium* e *P. incarnata*

foram descritos como os melhores degradadores de compostos xenobióticos, uma vez que apresentaram a capacidade de crescer na presença de elevadas concentrações de moléculas tóxicas e, além disso, possuem a habilidade de degradá-las.

Ascomicetos dos gêneros *Alternaria*, *Aspergillus*, *Eupenicillium* e *Paecilomyces* isolados de manguezais da Arábia Saudita foram testados quanto à síntese enzimática durante tratamento com diesel combustível em meio líquido. Neste contexto foi possível inferir um aumento do índice enzimático quando as culturas cresceram em meio contendo óleo diesel como única fonte de carbono, indicando que compostos xenobióticos são passíveis de assimilação pelo metabolismo fúngico e, além disso, as enzimas lignolíticas podem estar envolvidas na degradação de hidrocarbonetos (AMEEN et al., 2016).

As enzimas lignolíticas podem ser aplicadas em processos de bio-deslignificação visando à redução de resíduos agrícolas. Knezévic et al. (2013) utilizaram basidiomicetos para expressar a síntese de enzimas lignolíticas empregando a técnica de cultivo em estado sólido, entretanto neste estudo a taxa de degradação da lignina não mostrou correlação com o nível de atividade enzimática, deste modo os autores relataram que a alta atividade da enzima lacase precisa ser associada à atividade significativa de peroxidases para que haja degradação da lignina.

Entretanto, uma das limitações do uso de microrganismos em processos biotecnológicos é o teor enzimático sintetizado. Neste contexto novas pesquisas que visem à obtenção de espécies mais eficientes e/ou que apresentem maiores taxas de degradação de substâncias, sejam elas xenobióticos ou não, podem ampliar as aplicações biotecnológicas destas enzimas (KACHLISHVILI et al., 2012).

4 METODOLOGIA

4.1 MATERIAL BIOLÓGICO

A Coleção de Cultura Microbiológica da Universidade Estadual do Paraná – *Campus* Paranaguá, conta com 351 fungos filamentosos isolados de manguezais da baía de Paranaguá. Estes isolados fúngicos foram previamente agrupados em 68 morfotipos, com base nas suas características macroscópicas, utilizando-se da técnica de ponto único para observação das colônias, e microscópicas baseada na estrutura de reprodução obtida por meio da técnica de microcultivo em lâmina (ZAMARCHI, 2016).

Os 351 isolados fúngicos foram repicados em meio de cultura BDA (batata, dextrose e ágar - pH 6,5). Deste total, um representante de cada morfotipo foi: a) identificado molecularmente; b) submetido a teste qualitativo para síntese de lacase e peroxidases; c) e sendo qualitativamente positivo, submetido à avaliação quantitativa quanto à síntese de enzimas lignolíticas e degradação de corante têxtil.

4.2 IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR

4.2.1 Extração de DNA

Para extração de DNA genômico se utilizou o protocolo previamente descrito por Vicente et al., 2008. Fragmentos de aprox. 1cm² de micélio de cultura com sete dias de crescimento foi transferido para um microtubo com sílica-celite (2:1) e 300µL de brometo de cetiltrimetilamonio (CTAB a 10% - pH 8,0). O micélio foi macerado manualmente por aprox. 1 min. Posteriormente, 200µL de CTAB foram adicionados e homogeneizados em vórtex durante 1 min. Os microtubos foram incubados em banho-maria a 65°C durante 30 min.

Após este período foram adicionados 500µL de clorofórmio-álcool isoamílico (CIA - 24:1), a amostra foi centrifugada por 7 min. a 13.000 rpm. e o sobrenadante transferido para um novo microtubo e então, esta etapa foi repetida. Ao produto restante foi adicionado 800µL de etanol 96% gelado, a amostra foi delicadamente homogeneizada por inversão e colocada *overnight* a -20°C.

Após este período, a amostra foi centrifugada por 7 min. a 13.000 rpm, o sobrenadante descartado e o precipitado lavado com 500µL de etanol 70% gelado sendo novamente centrifugado por 7 min. a 13.000rpm. Após período de secagem à temperatura ambiente, o DNA foi ressuspensão em 100µL de água ultrapura por 24h.

A pureza, integridade e concentração do ácido nucléico foram avaliadas por espectrometria em Nanodrop™ 2000 (ThermoScientific, EUA) e por eletroforese em gel de agarose a 1%, corado com GelRed®.

4.2.2 Protocolo de PCR e Sequenciamento

A elucidação taxonômica dos isolados se deu primeiramente pela amplificação e sequenciamento da região dos espaçadores internos transcritos (ITS), utilizando-se os oligonucleotídeos iniciadores descritos na TABELA 1. Além da região ITS, quatro regiões gênicas foram, quando necessário, amplificadas e sequenciadas para a determinação de espécie, sendo elas: a região da subunidade maior do ribossomo 28S (LSU), região parcial do gene do fator 1- α de alongação da tradução (TEF1 α), gene parcial da β -tubulina (BT2) e o gene parcial da segunda subunidade maior da RNA polimerase II (RPB2) utilizando-se os iniciadores descritos na TABELA 1.

As reações da PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) foram otimizadas a partir de um protocolo inicial e realizadas num volume final de 25µL. A mistura reacional incluiu 12,5µL de tampão PCR, constituído por MgCl₂ 2,5 mM, dNTPs 400 mM cada e Taq polimerase 50 U/mL; 9,5µL de água ultrapura, 1µL de cada um dos iniciadores universal e reverso (10 pmol/µL) e 1µL de DNA alvo [20 ng/µL]. As condições de ciclagem foram: desnaturação inicial de 5 min. a 94°C; 35 ciclos de: desnaturação a 94°C por 1 min., temperatura de anelamento variável de acordo com o gene (TABELA 1) por 1 min., extensão a 72°C por 1 min.; e uma extensão final a 72°C por 10 min. Os amplicons foram visualizados em eletroforese em gel de agarose a 1,5% corados com GelRed®.

TABELA 1 - OLIGONUCLEOTÍDEOS INICIADORES E CONDIÇÕES DE AMPLIFICAÇÃO UTILIZADAS NA PCR.

Região gênica	Iniciador	Temperatura de Anelamento
ITS	ITS 1 (5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3')	52°C a 56°C

Região gênica	Iniciador	Temperatura de Anelamento
	ITS 5 (5'- GGA AGT AAA AGT CGT AAC AAG G-3')	
	ITS 4 (5'-TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC -3')	
BT2	T1 (5'-AAC ATG CGT GAG ATT GTA AGT-3')	54°C
	T2 (5'-TGA TGA CCC TTG GCC CAG TTG-3')	
LSU	NL 1 (5'-GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG-3')	54°C
	LR 5 (5'-TCCTGAGGGAAACTTCG-3')	
RPB2	5f (5'-GAYGAYMGWGATCAYTTYGG-3')	52°C
	7cR (5'-CCCATRGCTTGYTTRCCCAT-3')	
TEF-1 α	EF-983F (5'-GCY CCY GGH CAY CGT GAY TTY AT-3')	52°C
	EF-2218R (5'-ATC ACA CCR ACR GCR ACR GTY TG-3')	

FONTE: A autora (2019).

Os produtos de PCR foram purificados com polietilenoglicol (PEG) de acordo com as instruções estabelecidas pelo fabricante, seguido de duas lavagens com etanol a 80% e 96%. Os amplicons foram sequenciados com o kit BigDyeTerminator Cycle Sequencing v.3.1 de acordo com as instruções estabelecidas pelo fabricante, utilizando os iniciadores descritos na TABELA 1. O produto da reação de sequenciamento foi purificado com isopropanol 75% e uma lavagem com etanol 70%. O sequenciamento foi realizado em ABI Prism 3700 DNA (GOMES et al., 2016).

4.2.3 Alinhamento e Análise Filogenética

As sequências consenso de cada isolado foram obtidas utilizando o programa BioEdit Sequence Alignment Editor 7.2.5., as quais foram comparadas pelo programa BLAST com as de isolados referência disponíveis no banco de dados do NCBI (National Center for Biotechnology Information - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Os gêneros identificados pelo programa BLAST, tiveram suas sequências referência selecionadas com base em artigos de filogenia atuais e no Mycobank e foram adicionadas a um banco de dados no programa MEGA v.7 (KUMAR et al., 2016) juntamente com as sequências consenso de cada gênero (APÊNDICE 1). Estas sequências foram alinhadas por meio do programa online MAFFT (KATO; TOH, 2008 <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server>), seguida de

inspeção visual utilizando o programa MEGA v.7. Análises filogenéticas multilocus de máxima verossimilhança foram realizadas no programa MEGA v.7.

4.3 ATIVIDADE ENZIMÁTICA

4.3.1 Seleção Qualitativa

Os isolados fúngicos foram repicados em meio ágar LBM 1x (APÊNDICE 2A), pH 6 e crescidos em estufa a 28°C por sete dias. Após este período, foram perfurados da margem da colônia discos de micélio fúngico com 6 mm de diâmetro, os quais foram inoculados em triplicata em meio ágar LBM 1x suplementado com Azure-B para determinar a presença de peroxidases, via visualização de halo incolor no meio de cultura (POINTING, 1999; CHEN et al., 2011) e em meio ágar LBM 1x suplementado com 4 mM de guaiacol para determinar a síntese de lacase, via a presença de coloração marrom intensa em torno da colônia (D'SOUZA et al., 2006; CHEN et al., 2011). Em ambos os testes o pH 6 – 6,5 foi utilizado e a incubação se deu a 28°C, no escuro, por até 20 dias com inspeção diária das colônias.

Dos fungos positivos nesta etapa foram selecionados 12 capazes de sintetizar lacase e dois capazes de sintetizar peroxidases para serem submetidos às etapas descritas a seguir. Tal seleção foi baseada no critério de haver pouca ou nenhuma descrição em literatura utilizando tais gêneros para produção enzimática.

4.3.2 Produção Enzimática em Cultivo Submerso

Frascos contendo 10g de farelo de trigo e 100 mL de meio LBM 1x (APÊNDICE 2A) foram autoclavados a 120°C por 20 min. Em seguida, cinco discos de micélio previamente crescidos em meio ágar LBM 1x a 28°C por sete dias foram inoculados, em duplicata e os frascos incubados no escuro a 28°C por até sete dias a 120rpm.

Alíquotas de 10 mL foram coletadas no 3º, 5º e 7º dias de incubação. O extrato enzimático foi centrifugado a 5000xg (4°C - 20 min.) e filtrado em papel filtro de Whatman nº 1, seguido de dosagem enzimática.

4.3.3 Dosagem Enzimática

A atividade enzimática da lacase (Lac - EC 1.10.3.2) foi determinada pela oxidação do substrato ABTS (2,2'-azino-bis(3-ethylbenzthiazoline-6-sulfonicacid). A mistura reacional continha 100uL de ABTS 20 mM (tampão citrato de sódio – 0,1M – pH 3), entre 50-200uL de amostra e tampão citrato de sódio (0,1M – pH 5) completando o volume final de 1 mL. A oxidação do ABTS foi acompanhada pelo aumento da absorbância a 420nm em espectrofotômetro (coeficiente de extinção molar $\epsilon=36.000 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$) (KARP et al., 2015).

A atividade enzimática da lignina peroxidase (LiP - EC 1.11.1.14) foi determinada pela oxidação do substrato álcool veratrílico à veratrilaldeído (TIEN; KIRK, 1988). A mistura reacional continha 200 uL de álcool veratrílico 10 mM, 200 uL de amostra, 100 uL de peróxido de Hidrogênio 0,4mM adicionado para iniciar a reação e tampão acetato de sódio (0,2M - pH 5) completando o volume final de 1 mL. A leitura em espectrofotômetro se deu a 310nm (coeficiente de extinção molar $\epsilon= 9.300 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$) (TIEN; KIRK, 1988; ROSALES-CASTILLO et al., 2017).

A atividade enzimática da manganês peroxidase (MnP - EC 1.11.1.13) foi determinada pela oxidação do Mn (II) para Mn (III) como substrato. A mistura reacional continha 200 uL de amostra, 100 uL de sulfato de manganês (MnSO_4 – 0,1mM), 100 uL de peróxido de Hidrogênio 0,4mM adicionado para iniciar a reação e tampão acetato de sódio (0,2M – pH5) completando o volume final de 1mL. A leitura da absorbância de em espectrofotômetro a 238nm (coeficiente de extinção molar $\epsilon= 6.500 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$) (PASZCZYNSKI; CRAWFORD; HUYNH, 1988).

A atividade enzimática foi expressa em Unidades (U) sendo que uma unidade de atividade enzimática é definida como a quantidade de enzima necessária para oxidar 1 μ mol do substrato por minuto a 30°C (PASZCZYNSKI; CRAWFORD; HUYNH, 1988).

As médias dos valores de absorbância foram submetidas à seguinte equação de atividade enzimática:

$$[U/L = \Delta \text{abs} \cdot V / \epsilon \cdot d \cdot v \cdot t] * 1000$$

onde:

$\Delta \text{ abs}$ = diferença entre absorbância final e absorbância inicial

V= volume total da reação (mL)
 ϵ = coeficiente de extinção molar ($M^{-1} \text{ cm}^{-1}$)
v= volume de amostra (mL)
d= comprimento do passo (cm)
t= tempo de reação (min.)

4.3.4 Determinação de Proteínas Totais

A concentração de proteínas totais foi determinada usando o método de Bradford (azul brilhante de Coomassie). A curva padrão foi obtida a partir de soluções contendo albumina de soro bovino (BSA) em concentrações conhecidas. A mistura reacional contendo 80 μL de amostra e 20 μL de reagente de Bradford foi incubada em temperatura ambiente por 5 min., seguida de leitura da absorbância em leitor de placa de 96 poços 595 nm. O conteúdo protéico total é apresentado em mg mL^{-1} (SOUZA; MELO; OLIVEIRA, 2005).

4.3.5 Descoloração do Azul de Remazol Brilhante R em Cultivo Submerso.

Frascos contendo 20 mL de meio de cultura para descoloração (APÊNDICE 2B) foram autoclavados a 120°C por 20 min. Em seguida, três discos de micélio previamente crescidos em meio Sabouraud a 28°C por sete dias foram inoculados. Os frascos foram incubados no escuro a 28°C por até 14 dias. Alíquotas de 1 mL foram coletadas no 3º, 6º, 8º, 10º dias de incubação, seguida de centrifugação a 5000xg (4°C - 20 min.). A absorbância da amostra foi mensurada em espectrofotômetro a 595 nm e a taxa de descoloração obtida por meio de da equação:

$$\text{Descoloração (\%)} = (A_0 - A_1) / A_0 \times 100\%$$

onde:

A₀: absorbância inicial da amostra sem inóculo fúngico

A₁: absorbância final após cada período de incubação (ARREDONDO-SANTOYO; VÁZQUEZ-GARCIDUEÑAS; VÁZQUEZ- MARRUFO, 2018). A dosagem enzimática foi realizada de acordo com o descrito no item 4.3.3.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 ANÁLISE FILOGENÉTICA

A análise filogenética dos 68 morfotipos procedentes do sedimento de manguezais da Baía de Paranaguá resultou na identificação de 40 gêneros fúngicos pertencentes ao filo Ascomycota distribuídos em 13 ordens, sendo uma descrita como taxonomicamente indefinida e em 34 famílias, das quais três são descritas como taxonomicamente indefinidas e em quatro gêneros do filo Basidiomycota, distribuídos em duas ordens e em três famílias (TABELA 3). A divisão taxonômica identificada neste trabalho, no qual os fungos são oriundos de isolamento clássico, corroboraram com dados obtidos em análises de metagenômica, a qual revelou que a comunidade fúngica associada ao solo e a rizosfera da floresta de mangue também foi predominantemente composta por fungos pertencentes ao filo Ascomycota (SIMÕES et al., 2015).

5.1.1 Ordem Capnodiales

A ordem Capnodiales abriga Dothideimycetes nos quais a pseudoparáfise é o elo característico (CROUS et al., 2009). O isolado CMRP2959 foi identificado como *Cladosporium halotolerans* baseado no sequenciamento da região ITS e no gene TEF1 α (APÊNDICE 3). Este gênero taxonomicamente classificado na família Cladosporiaceae abriga fungos dematiáceos também denominados leveduras negras, caracterizado por apresentarem conídios pequenos em cadeias ramificadas (BENSCH et al., 2012; 2015). É considerado cosmopolita, com cerca de 200 espécies de fungos sapróbios, endofíticos, patógenos de plantas, animais e de outros fungos, além de serem frequentemente isolados do ar e de ambientes aquáticos (ZALAR et al., 2007; BENSCH et al., 2012; 2018), incluindo o manguezal, *C. cladosporioides* foi descrito como endofítico de *Rhizophora apiculata* (KUMARESAN; SURYANARAYANAN 2002; Bensch et al., 2010) e a espécie *C. tenuissimum* isolada do sedimento e do mangue-vermelho na Venezuela (BENSCH et al., 2010). Dado a característica globóide dos conídios inúmeros exemplares desse gênero eram associados ao complexo de espécies *Cladosporium*

sphaerospermum, contudo devido a característica de halotolerância por parte de alguns membros, este complexo de espécies foi recentemente revisado com base em análises moleculares, fato este que permitiu a delimitação de inúmeras novas espécies do gênero *Cladosporium*, entre elas *C. halotolerans* (ZALAR et al., 2007; BENSCH et al., 2018). A espécie *C. halotolerans* apresenta colônias de coloração cinza a olivácea sem exsudatos, com reverso cinza-oliváceo ou levemente preto (BENSCH et al., 2018).

5.1.2 Ordem Pleosporales

Os fungos da ordem Pleosporales formaram o segundo grupo mais representativo na presente pesquisa com representantes nas famílias Anteagloniaceae, Didymellaceae, Didymosphaeriaceae, Nigrogranaceae, Pleosporaceae, Pyrenochaetopsidaceae e Sporormiaceae, descritos respectivamente a seguir (APÊNDICE 4 - 6). O isolado CMRP2928 foi identificado com base em dados concatenados das regiões ITS e LSU, o mesmo está geneticamente relacionado a dois gêneros *Flammeascoma* e *Anteaglonium*. Os taxa da família Anteagloniaceae estão bem delimitados baseado em características morfológicas e análise filogenética de cinco loci gênicos (JAKLITSCH; FOURNIER; VOGLMAYR, 2018). Apesar de fracamente suportado o isolado CMRP2928 é mais próximo ao o gênero *Flammeascoma* (APÊNDICE 4A). Esse gênero foi proposto para acomodar apenas duas espécies *F. lignicola* (saprofítica) e *F. bambusae* (epifítica de bambu) ambas isoladas na Tailândia, as quais são geneticamente distantes do isolado obtido nesse estudo. Deste modo, outras análises são necessárias para definir CMRP2928 como uma nova espécie do gênero *Flammeascoma*.

A família Didymellaceae apresenta taxonomia complexa, principalmente no que diz respeito às espécies descritas como *Phoma*-like (VALENZUELA-LOPEZ et al., 2018). O isolado CMRP2884 formou um agrupamento relacionado com a linhagem referência *Epicoccum catenispurum*, todavia foi identificado como *Epicoccum* sp. (APÊNDICE 4B). A análise baseada apenas na região ITS se revelou insatisfatória para delimitação claramente das espécies. Nesse sentido, o uso de outro gene de referência se faz necessário para identificação correta do CMRP2884.

O gênero *Epicoccum* foi recentemente reorganizado com base em análises multilocus e caracterizado pela formação de conídios multisseptados de pigmentação escura. A espécie *E. catenisporem*, anteriormente denominada de *Phoma sorghina* ou ainda *Epicoccum sorghinum* é um isolado de mancha foliar (VALENZUELA-LOPEZ et al., 2018) assim como outras espécies do gênero (CHEN et al., 2017).

TABELA 2 – FUNGOS IDENTIFICADOS NO SEDIMENTO DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ E SÍNTESE ENZIMÁTICA

Morfotipo	Ordem	Família	Número da Linhagem	Identificação	Enzima		Nº Genbank ITS; LSU; TEF1 α ; BT2; RBP2
					Peroxidase	Lacase	
Ascomycota - Dothideomycetes							
36	Capnodiales	Cladosporiaceae	CMRP2959	<i>Cladosporium halotolerans</i>	+	-	Em progresso
03		Anteagloniaceae	CMRP2928	<i>Flammeascooma</i> sp.	-	-	Em progresso
23		Didymellaceae	CMRP2884	<i>Epicoccum</i> sp*	-	+	Em progresso
21			CMRP2938	<i>Austroleospora</i> sp *	-	+	Em progresso
29		Didymosphaeriaceae	CMRP2943	<i>Paraconiothyrium cyclothyriodes</i>	-	+	Em progresso
05			CMRP2881	<i>Paraconiothyrium estuarinum</i>	-	+	Em progresso
33	Pleosporales		CMRP2885	<i>Paraconiothyrium</i> sp.*	-	+	Em progresso
45		Nigrogranaceae	CMRP3414	<i>Nigrograna mackinnonii*</i>	-	+	Em progresso
32		Pleosporaceae	CMRP2958	<i>Curvularia</i> sp.	-	+	Em progresso
06		Pyrenochaetopsidaceae	CMRP2930	<i>Pyrenochaetopsis uberiformis*</i>	-	+	Em progresso
02			CMRP2927	<i>Westerdykella purpurea</i>	-	-	Em progresso
04		Sporormiaceae	CMRP2929	<i>Westerdykella</i> sp.	-	-	Em progresso
Ascomycota - Eurotiomycetes							
42	Chaetothyriales	Cyphellophoraceae	CMRP2889	<i>Cyphellophora guyanensis*</i>	+	-	Em progresso
60		Herpotrichiellaceae	CMRP3410	<i>Phialophora avicenniae*</i>	+	-	Em progresso
43			CMRP2957	<i>Aspergillus amoenus</i>	-	-	Em progresso
44	Eurotiales	Aspergillaceae	CMRP2909	<i>Aspergillus clavatonanicus</i>	-	-	Em progresso
56			CMRP2967	<i>Aspergillus hongkongensis</i>	-	-	Em progresso

TABELA 2 – FUNGOS IDENTIFICADOS NO SEDIMENTO DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ E SÍNTESE ENZIMÁTICA

Morfotipo	Ordem	Família	Número da Linhagem	Identificação	Enzima		Nº Genbank ITS; LSU; TEF1 α ; BT2; RBP2
					Peroxidase	Lacase	
57			CMRP2968	<i>Penicillium crustosum</i>	-	-	Em progresso
58			CMRP2964	<i>Penicillium</i> sp.	-	-	Em progresso
59		Trichocomaceae	CMRP2966	<i>Talaromyces purpureogenus</i>	-	-	Em progresso
Ascomycota - Saccharomycetes							
35	Saccharomycetales	Debaryomycetaceae	CMRP3416	<i>Meyerozyma guilliermondii</i>	-	-	Em progresso
Ascomycota – Sordariomycetes							
8	Coniochaetales	Coniochaetaceae	CMRP3407	<i>Coniochaeta fasciculata</i>	-	-	Em progresso
52	Dialportales	Cryphonectriaceae	CMRP2952	<i>Holocryphia</i> sp.*	-	+	Em progresso
37		Valsaceae	CMRP2945	<i>Cytospora</i> sp.*	-	+	Em progresso
11		Bionectriaceae	CMRP2882	<i>Clonostachys</i> sp.	-	-	Em progresso
1		Clavicipitaceae	CMRP2926	<i>Metarhizium</i> sp. 1	-	+	Em progresso
18			CMRP2935	<i>Metarhizium</i> sp. 2	-	+	Em progresso
7			CMRP2955	<i>Cordyceps sphingum</i>	-	+	Em progresso
16	Hypocreales		CMRP2933	<i>Cordyceps sphingum</i>	-	+	Em progresso
19		Cordycipitaceae	CMRP2936	<i>Cordyceps sphingum</i>	-	+	Em progresso
40			CMRP2947	<i>Cordyceps sphingum</i>	-	-	Em progresso
46			CMRP2886	<i>Parengyodontium album</i>	-	-	Em progresso
61			CMRP2893	<i>Trichoderma</i> sp. 1	-	+	Em progresso
62		Hypocreaceae	CMRP2907	<i>Trichoderma</i> sp. 2	-	+	Em progresso

TABELA 2 – FUNGOS IDENTIFICADOS NO SEDIMENTO DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ E SÍNTESE ENZIMÁTICA

Morfotipo	Ordem	Família	Número da Linhagem	Identificação	Enzima		Nº Genbank ITS; LSU; TEF1 α ; BT2; RBP2
					Peroxidase	Lacase	
63			CMRP2900	<i>Trichoderma</i> sp. 3	-	-	Em progresso
64			CMRP2898	<i>Trichoderma</i> sp. 4	-	-	Em progresso
65			CMRP2878	<i>Trichoderma</i> sp. 5	-	-	Em progresso
66			CMRP2906	<i>Trichoderma asperellum</i>	-	+	Em progresso
67			CMRP2896	<i>Trichoderma asperellum</i>	-	+	Em progresso
68			CMRP2961	<i>Trichoderma virens</i>	-	-	Em progresso
39			CMRP2946	<i>Acremonium acutatum</i>	-	-	Em progresso
28		Indefinida	CMRP2942	<i>Stilbella byssiseda</i>	-	-	Em progresso
15		Nectriaceae	CMRP2877	<i>Fusarium</i> sp.	-	-	Em progresso
13			CMRP2962	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	+	-	Em progresso
14			CMRP2932	<i>Tolypocladium endophyticum</i>	-	-	Em progresso
26			CMRP2941	<i>Tolypocladium endophyticum</i>	-	-	Em progresso
38			CMRP3409	<i>Tolypocladium endophyticum</i>	-	-	Em progresso
51		Ophiocordycipitaceae	CMRP2951	<i>Tolypocladium endophyticum</i>	-	-	Em progresso
27			CMRP3408	<i>Tolypocladium</i> sp.	-	-	Em progresso
48			CMRP2950	<i>Tolypocladium</i> sp.	-	-	Em progresso
47			CMRP2949	<i>Tolypocladium tropicale</i>	-	+	Em progresso
53		Stachybotryaceae	CMRP2953	<i>Albifimbria terrestris*</i>	-	+	Em progresso
55	Indefinida	Indefinida	CMRP2876	<i>Xylomelasma</i> sp. *	-	+	Em progresso
41	Microascales	Graphiaceae	CMRP2948	<i>Graphium basitruncatum</i>	-	-	Em progresso

TABELA 2 – FUNGOS IDENTIFICADOS NO SEDIMENTO DE MANGUEZAIS DA BAÍA DE PARANAGUÁ E SÍNTESE ENZIMÁTICA

Morfotipo	Ordem	Família	Número da Linhagem	Identificação	Enzima		Nº Genbank ITS; LSU; TEF1 α ; BT2; RBP2
					Peroxidase	Lacase	
10		Microascaceae	CMRP2880	<i>Scedosporium dehoogii</i>	-	+	Em progresso
17			CMRP2934	<i>Scopulariopsis</i> sp.	-	-	Em progresso
49	Phomatosporales	Phomatosporaceae	CMRP3412	<i>Phomatospora</i> sp.	-	-	Em progresso
22	Sordariales	Chaetomiaceae	CMRP2939	<i>Chaetomium novozelandicum</i>	-	+	Em progresso
54		Apiosporaceae	CMRP2954	<i>Arthrinium kogelbergense*</i>	-	+	Em progresso
31		Diatrypaceae	CMRP2879	<i>Peroneutypa</i> sp.*	-	+	Em progresso
09	Xylariales	Hypoxylaceae	CMRP3411	<i>Annulohypoxylon stygium</i>	-	-	Em progresso
25		Indefinida	CMRP2940	<i>Phialemoniopsis ocularis</i>	-	-	Em progresso
30		Sporocadaceae	CMRP2969	<i>Neopestalotiopsis</i> sp.	-	+	Em progresso
Basidiomycota - Agaricomycetes							
24		Meruliaceae	CMRP2883	<i>Phlebia floridensis</i>	+	+	Em progresso
12			CMRP3417	<i>Fomitella supina</i>	-	+	Em progresso
20	Polypolares	Polyporaceae	CMRP2937	<i>Fomitella supina</i>	-	+	Em progresso
50			CMRP3413	<i>Polyporus</i> sp.	-	+	Em progresso
34	Russulales	Peniophoraceae	CMRP2944	<i>Peniophora</i> sp.*	-	+	Em progresso

* Linhagem selecionada para produção enzimática e descoloração do RBRR em cultivo submerso. FONTE: A autora (2019).

Dois gêneros da família Didymosphaeriaceae foram identificados neste trabalho. O isolado CMRP2938 está intimamente relacionado com a linhagem *Austropleospora archidendri* de acordo com dados concatenados das regiões ITS e LSU. Os isolados CMRP2881 e CMRP2938 foram identificados como *Paraconiothyrium estuarinum* e *Paraconiothyrium cyclothyrioides* respectivamente, com alto valor de bootstrap baseado no alinhamento da região ITS. Enquanto que o isolado CMRP2885 revelou ser geneticamente relacionado com o gênero *Paraconiothyrium* baseado no alinhamento das regiões ITS e LSU, entretanto relativamente distante das espécies referência do gênero (APÊNDICE 5A). A família Didymosphaeriaceae foi recentemente revisada e os gêneros redefinidos com base nos dados de ITS, LSU e SSU disponíveis. O agrupamento até então identificado como gênero *Paraconiothyrium* teve espécies remanejadas para novos gêneros, p.e. *Paraconiothyrium archidendri*, atualmente *Austropleospora archidendri* uma vez que as análises a colocaram como filogeneticamente distante do gênero (WANASINGHE et al., 2016). Deste modo, tanto o isolado CMRP2885 quanto o isolado CMRP2938 podem ser propostos como novas espécies de seus respectivos gêneros, contudo uma análise multilocus com os genes da β -tubulina e RPB2 se faz necessária para futura descrição das espécies. Essas espécies foram descritas em diferentes ambientes, espécie *P. estuarinum* já foi isolada do sedimento de manguezal poluído com rejeitos industriais no estado de São Paulo – BR e *P. cyclothyrioides* foi isolado do solo em Papua Nova Guiné e recentemente descrito como patógeno oportunista em pacientes imunocomprometidos, causando feohifomicose (VERKLEY et al., 2004; GORDON et al., 2012). Enquanto que *Austropleospora archidendri* foi relatada ocasionando mancha foliar (VERKLEY et al., 2014).

O isolado CMRP3414 formou um clado bem suportado com a espécie *Nigrograna mackinnonii* sendo, portanto assim identificado (APÊNDICE 5B). Este gênero compreende espécies com picnídio semelhante a um ascocarpo com perídio marrom e pseudoparenquimatoso. Os conidióforos quando presentes são filiformes, de simples a pouco ramificados, com cavilhas e fiálides terminais produzindo conídios variando de bastonetes a elipsoidais e de hialinos a marrom-claro. Representantes do gênero *Nigrograna* foram isolados do caule de arbustos e de árvores moderadamente deterioradas, de fungos

denominados pirenomicetos e por vezes de humanos, como p.e. a espécie *N. mackonnonii* relatada causando micetoma (JAKLITSCH; VOGLMAYR, 2016).

O isolado CMRP2958 formou um agrupamento com 80% de suporte com pelo menos três espécies do gênero *Curvularia*, sendo então denominado *Curvularia* sp. (APÊNDICE 6A). Este gênero é caracterizado por apresentar conídios curvados devido à célula intermediária se mostrar excessivamente aumentada (MARIN-FELIX et al., 2017). Estudos recentes voltados a delimitar os gêneros *Curvularia* e *Bipolaris* reiteraram a necessidade do uso de genes de referência secundários como GPDH (gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase) e TEF1 associados ao ITS para uma identificação precisa das espécies (MADRID et al., 2014; MANAMGODA et al., 2015; MARIN-FELIX et al., 2017). Além disso, há necessidade de se esclarecer tanto a distribuição geográfica quanto a quais hospedeiros as espécies de *Curvularia* estão associadas, uma vez que inúmeras espécies registradas em associação com plantas também podem causar doenças em humanos (MARIN-FELIX et al., 2017).

Um representante da família Pyrenochaetopsidaceae foi identificado nesta pesquisa. O isolado CMRP2930 foi identificado como *Pyrenochaetopsis uberiformis* baseado no sequenciamento da região ITS e gene da β -tubulina (APÊNDICE 6B). Representantes deste gênero produzem picnídios globosos ou subglobosos de coloração variando de mel a citrino ou de oliváceo a negro, superficial ou submerso no substrato com ostíolo papilado ou não; conidiogênese fialídica, hialinas, discretas e integradas ao conidióforo septado, produzindo conídios asseptatos variando de cilíndrico a alantóide. A espécie *Pyrenochaetopsis uberiformis* foi isolada de lesão, entretanto as demais espécies do gênero já foram isoladas tanto de tecido humano como associada a plantas e ao solo (VALENZUELA-LOPEZ et al., 2018).

O último representante da ordem Pleosporales avaliado neste estudo foi identificado como membro da família Sporormiaceae. O isolado CMRP2927 agrupou-se com a espécie *Westerdykella purpurea* formando um clado com alto valor de suporte com a linhagem referência da espécie, enquanto que o isolado CMRP2929 foi identificado como *Westerdykella* sp. apresentando identidade com o gênero com valor de suporte de 75%, entretanto filogeneticamente distante das demais linhagens referência utilizadas nesta análise (APÊNDICE 6C). Contudo o sequenciamento de um segundo gene de

referência de faz necessário para futura descrição desta provável nova espécie do gênero, assim como análises morfológicas. Representantes deste gênero são caracterizados por apresentar ascocarpo do tipo cleistotécio, ascos pequenos (<50µm), com estipe curto ou quase ausente, ascósporos unicelulares e fendas germinativas ausentes (KRUYIS; WEDIN, 2009). Há relato da espécie *W. purpurea* causando infecção fúngica angioinvasiva – AFI (SUE et al., 2014), entretanto são comumente associadas a diversos substratos ambientais incluindo a alga marinha *Polysiphonia* sp. (Rhodophyta) e sedimento de manguezal (KRUYIS; WEDIN, 2009; EBEAD et al., 2012).

5.1.3 Ordem Chaetothyriales

Os representantes da ordem Chaetothyriales identificados neste trabalho, pertencem a um grupo de fungos dematiáceos filogeneticamente relacionados, também denominados leveduras negras. Os isolados CMRP2889 e CMRP3410 foram identificados respectivamente como *Cyphellophora guyanensis* baseado no sequenciamento da região ITS e no gene parcial da β -tubulina e *Phialophora avicenniae* baseado no sequenciamento da região ITS (APÊNDICE 7). Estes gêneros possuem fiálides e colaretes nas células conidiogênicas, contudo, enquanto *Cyphellophora* pertence à família Cyphellophoraceae e produz conídios multiseptatos, o gênero *Phialophora* pertence à família Herpotrichiellaceae e produz conídios unicelulares (GAO et al., 2015). As espécies de ambos os gêneros ocupam nichos em comum seja de origem ambiental (ATTILI-ANGELIS et al., 2014; GAO et al., 2015; LI et al., 2017) ou causando doenças em humanos (GOMES et al., 2016; LI et al., 2017). Há relatos de espécies da família Herpotrichiellaceae causando a Doença do Caranguejo Letárgico (LCD) em manguezais do nordeste brasileiro (VICENTE et al., 2012), entretanto as espécies identificadas na presente pesquisa são descritas até o momento de origem exclusivamente ambiental. A espécie *Cyphellophora guyanensis* foi isolada de folhas de gimnosperma em decomposição na Guiana Francesa (DECOCK et al., 2003) e a espécie *Phialophora avicenniae* foi descrita como espécie endofítica da planta de mangue *Avicennia marina* na China (LIU et al., 2013).

5.1.4 Ordem Eurotiales

Membros da ordem Eurotiales são caracterizados por apresentar ascos esféricos e ascósporos elipsoidais, fusiformes, cilíndricos, igualmente bivalves, muitas vezes ornamentados; as fases assexuadas conhecidas possuem fiálides e a conidiogênese ocorre de forma basípeta ou de hifas meristemáticas (ARX, 1987). Inserida na ordem Eurotiales estava a família Trichocomaceae a qual foi recentemente subdividida em três novas famílias Aspergillaceae, Thermoascaceae e Trichocomaceae (HOUBRAKEN; SAMSON, 2011). A família Aspergillaceae inclui entre outros fungos, os micotoxigênicos *Aspergillus* e *Penicillium*, os quais podem ser distinguidos morfológicamente pela presença de uma vesícula na extremidade do conidióforo no primeiro e a ausência de tal estrutura no segundo. Ambos são cosmopolitas e já foram isolados de uma gama de substratos tanto de origem ambiental quanto patogênica, sendo também utilizados na indústria alimentícia (VISAGIE et al., 2014; CHEN et al., 2016). Os isolados CMRP2957 e CMRP2967 foram identificados com base nos dados concatenados da região ITS e gene RPB2 como *Aspergillus amoenus* e *Aspergillus hongkongensis* respectivamente. Tais espécies pertencem à seção *Nidulantes* a qual abriga espécies que produzem conidióforos biseriados com estipes pigmentados de marrom claro, p.e. *Aspergillus nidulans* (CHEN et al., 2016). O isolado CMRP2909 identificado com base no sequenciamento da região ITS como *Aspergillus clavatonanicus* pertence à seção *Clatavi*, esta seção engloba espécies alcalino-tolerantes com vesícula do tipo clavata, p.e. *Aspergillus clavatus* (VARGA; FRISVAD; SAMSON, 2007) (APÊNDICE 8A).

O gênero *Penicillium* abriga espécies de conidióforo ramificado. Os isolados CMRP2968 e CMRP2964 foram identificados com base no sequenciamento da região ITS como *Penicillium crustosum* e *Penicillium* sp., respectivamente. Contudo, as espécies desse gênero são organizadas em seções, as quais não ficaram definidas na presente análise, dado que os valores de suporte são baixos (APÊNDICE 8B), indicando haver à necessidade do sequenciamento e análise de um segundo gene para tais isolados, como p.e. *BenA* (β -tubulina), *CaM* (calmodulina) ou RPB2 (VISAGIE et al., 2014). A família Trichocomaceae é definida pela formação de fiálides lanceoladas, ascos produzidos dentro de camadas de hifas soltas e ascósporos sem fenda na qual

o gênero *Talaromyces* foi inserido (HOUBRAKEN; SAMSON, 2011). O isolado CMRP2966 foi identificado como *Talaromyces purpureogenus* baseado no sequenciamento da região ITS (APÊNDICE 9C). Tal gênero abriga inúmeras espécies de origem ambiental, principalmente endofíticas (SU; NIU, 2018) e apenas uma espécie patogênica conhecida (CHAN et al., 2016). A espécie *T. purpureogenus* é incapaz de crescer abaixo de 18°C e capaz de sintetizar rubratoxinas, luteoskyrina, ácido espiculispórico, rugulovasinas e pigmentos vermelhos “*Monascus*” dentre os quais a azafilona é difusível diferenciando-o das demais espécies do gênero (YILMAZ et al., 2012).

5.1.5 Ordem Saccharomycetales

O isolado CMRP3416 é o único representante de fungos leveduriformes nesta pesquisa, formando um clado fortemente suportado *Meyerozyma guilliermondii* (Saccharomycetales; Debaryomycetaceae) (APÊNDICE 10A). Inúmeras espécies assexuadas comumente classificadas no gênero *Candida* foram remanejadas para seus respectivos gêneros sexuais filogeneticamente relacionados, ou para novos gêneros (YURKOV; DLAUCHY; PÉTER, 2017). Sendo assim, o gênero *Meyerozyma* foi proposto para acomodar as espécies *Pichia guilliermondii* e *Pichia caribbica* e posteriormente cinco espécies do gênero *Candida*, mantendo-se os epítetos específicos (KURTZMAN; SUZUKI, 2010; YURKOV; DLAUCHY; PÉTER, 2017). As espécies do gênero *Meyerozyma* são isoladas de diversos nichos ambientais, além disso, *M. guilliermondii* é relatada como a sexta espécie de *Candida* isolada de humanos, mas raramente causando infecções invasivas (YANG; RAO, 2018).

5.1.6 Ordem Coniochaetales

A ordem Coniochaetales, representada apenas pela família Coniochaetaceae é caracteriza por possuir ascósporos com fendas germinativas alongadas (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2016). O isolado CMRP3407 foi identificado como *Coniochaeta fasciculata* baseado no sequenciamento da região ITS com valor de suporte igual a 99% (APÊNDICE

10B). Este gênero foi recentemente revisado e as espécies descritas na fase anamorfa *Lecytophora* foram realocadas em *Coniochaeta* totalizando 85 espécies. O gênero *Coniochaeta* é caracterizado por possuir peritécio globoso ou subgloboso, de coloração castanho-escuro a preto, ostiolado e com pescoço curto, os ascósporos são escuros com fenda germinativa longitudinal. Há relatos de espécies de *Coniochaeta* isoladas de diversas fontes como alimentos (p.e. a espécie referência de *C. fasciculata* isolada de manteiga), solo, água, tecido humano, vegetal e animal, madeira em ambiente terrestre e de água doce (NASR et al., 2018), incluindo solo de manguezal em Cingapura, contudo, em tal estudo a delimitação de espécie não foi possível (RAVINDRAN; ADAV; SZE, 2012).

5.1.7 Ordem Diaporthales

A ordem Diaporthales é caracterizada por apresentar peritécio alaranjado, marrom ou preto muitas vezes imerso no substrato, quando maduro os ascos são livres e possuem um anel de refração característico no ápice (ROSSMAN; FARR; CASTLEBURY, 2007; SENANAYAKE et al., 2017). Quatorze famílias são atualmente aceitas nesta ordem a qual está sob constante revisão (SENANAYAKE et al., 2017). O isolado CMRP2952 foi identificado baseado no sequenciamento da região ITS como pertencente ao complexo de espécies *Cryphonectria-Endothia* com valor de bootstrap de 89%, como o mesmo está geneticamente relacionado ao gênero *Holocryphia* foi então denominado *Holocryphia* sp., mesmo havendo baixo valor de suporte para o agrupamento (APÊNDICE 11A). O termo “complexo de espécies” pode ser usado principalmente para indicar linhagens estreitamente relacionadas com status taxonômico incerto (CHEN et al., 2015). O supracitado complexo está atualmente inserido na família Cryphonectriaceae cujas espécies compartilham a presença de conidioma laranja que se tornar amarelo em ácido láctico e roxo em KOH 3%. Entretanto a taxonomia da família Cryphonectriaceae não está bem definida. Estudos recentes baseados em análises multilocus (LSU; ITS; RPB2; TEF1) mostram que a esta família não tem suporte filogenético e propõe que os gêneros *Cryphonectria* e *Endothia* sejam separados assim como os gêneros *Chrysocrypta*, *Lasmenia* e *Prosopidicola*

(SENANAYAKE et al., 2017). Sendo assim, o isolado CMRP2952 necessita do sequenciamento de outras regiões gênicas para que a espécie possa ser inferida. As espécies desta família são comumente sapróbias ou fitopatógenas de árvores em biomas de floresta e de valor econômico (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2016)

Na ordem Diaporthales está inserida também a família Valsaceae cujo gênero *Cytospora* foi identificado na presente pesquisa. Este gênero abriga importantes espécies fitopatogênicas causadoras da doença do cancro em uma ampla variedade de plantas comerciais (ZHU; TIAN; FAN, 2018). O isolado CMRP2945 foi identificado com base no sequenciamento da região ITS e no gene da RPB2 como sendo *Cytospora* sp. (APÊNDICE 11B). São estimadas cerca de 100 espécies do gênero e apenas o gene ITS está disponível para a maioria das espécies de *Cytospora* conhecidas, o que leva a uma delimitação de espécies confusa indicando que este gênero precisa de revisão taxonômica (ZHU; TIAN; FAN, 2018). Contudo, ainda assim é possível sugerir que o isolado CMRP2945 se trata de uma nova espécie do gênero *Cytospora*, dado que a presente análise filogenética baseada em dois genes, os quais também estão disponíveis para as demais linhagens utilizadas como referencia, revelou que a distancia genética entre o isolado CMRP2945 e a espécie *C. sacculus* é de 10%.

5.1.8 Ordem Hypocreales

Fungos pertencentes a ordem Hypocreales foram os mais representativo na presente pesquisa (APÊNDICE 12 – 16). Membros desta ordem são geralmente caracterizadas por apresentarem cores vivas nos corpos de frutificação em forma de peritécio ou nas estruturas produtoras de esporos (LIU et al., 2015). De acordo com o sequenciamento da região ITS o isolado CMRP2882 poderia ser classificado como *Clonostachys pseudochroleuca*, uma vez que a distância genética entre o mesmo e a linhagem CBS 192.94 é de 0,9%, entretanto os valores de suporte para o agrupamento são baixos (32%) (APÊNDICE 12A). Ao descreverem uma nova espécie de *Clonostachys* Moreira et al. (2016) ressaltaram que a espécie *C. pseudochroleuca* é composta por três subclados. Um que acomoda a maioria das linhagens isoladas pelos

autores no Brasil, outro cujas espécies são semelhantes à espécie referência CBS 187.94 e o terceiro cujas espécies agrupam com a linhagem CBS 192.94, como é o caso do isolado CMRP2882. Contudo tal relação só foi possível após a análise de outros genes (TEF1, RPB1 e TUB) indicando que a correta identificação do presente isolado necessita de novas análises. O gênero *Clonostachys* (Família Bionectriaceae) é comum no solo, como endo e epifítico, saprofítico e micoparasita, além de já terem sido relatadas espécies parasitando artrópodes (MOREIRA et al., 2016). A espécie *C. pseudocholeuca* pertence ao subgênero *Bionectria* assim agrupados por formarem conídios ligeiramente curvos com um hilo deslocado lateralmente.

Membros da família Clavicipitaceae representam o grupo mais heterogêneo entre as três famílias de Hypocreales com hábitos entomógenos e fitopatogênicos. Não há caracteres morfológicos ou traços ecológicos que definam essa família, entretanto o gênero *Metarhizium* é amplo no que diz respeito a associações com hospedeiros, atingindo várias ordens de insetos (LUANGSA-ARD et al., 2017). Os isolados CMRP2926 e CMRP2935 foram identificados na presente pesquisa como *Metarhizium* sp. uma vez que agruparam com espécies pertencentes ao complexo *anisophiae* (APÊNDICE 12B). Trabalhos recentes mostraram ser possível a delimitação de espécies dentro no supracitado complexo (CHEN et al., 2017; LUANGSA-ARD et al., 2017), contudo, para tal o sequenciamento de três loci gênicos se faz necessário.

A taxonomia envolvendo as famílias Cordycipitaceae e Ophiocordycipitaceae é complexa, ambas foram propostas para acomodar espécies até então classificadas sob diversos gêneros, entre eles *Cordyceps* e *Isaria* (KEPLER et al., 2017). Duas espécies pertencentes à família Cordycipitaceae foram identificadas na presente pesquisa, os isolados CMRP2933, CMRP2936, CMRP2947 e CMRP2955 formaram um clado com 98% de suporte com a espécie *Cordyceps sphigum* (APÊNDICE 12C), assim como o isolado CMRP2889 agrupou com a espécie *Parengyodontium album* (APÊNDICE 12D). Todas as espécies do gênero *Cordyceps* apresentam origem ambiental sejam elas entomopatogênicas, incluindo *C. sphigum* ou isoladas de plantas e do solo (KUO; HUANG; CHEN, 2015). Contrariamente, a espécie *Parengyodontium album* foi isolada de biópsia de lesão cutânea. Após

análises genotípicas os autores propuseram que as linhagens conhecidas de *Engyodontium album* fossem transferidas para o novo gênero *Parengyodontium* sob a nomenclatura de espécie *P. álbum* o qual ainda pode conter três diferentes espécies crípticas (TSANG et al., 2016).

Espécies do gênero *Trichoderma*, classificado na família Hypocreaceae também foram identificados neste estudo com base no sequenciamento da região ITS. Os isolados CMRP2898 está estreitamente relacionado com três espécies do gênero sendo então denominado *Trichoderma* sp. O isolado CMRP2961 foi identificado como *Trichoderma virens* uma vez que agrupou com a linhagem referência apresentado valor de suporte igual a 90%. O isolado CMRP2878 agrupou com a linhagem referência de *T. ganodermais*, entretanto foi denominado como *Trichoderma* sp., uma vez que a além de a distância genética entre eles ser de 1,5%, a análise de outro gene se faz necessária para delimitação precisa de espécie. O isolado CMRP2900 formou um clado estritamente relacionado com as linhagens referência de *T. reseei* e *T. parareseei*, sendo desta forma denominado *Trichoderma* sp. Tanto o isolado CMRP2907 quanto o isolado CMRP2893 formaram um clado com 98% de identidade com duas espécies referência do gênero, sendo ambos denominados de *Trichoderma* sp. e os isolados CMRP2896 e CMRP2906 foram classificados como *T. asperellum* uma vez que agruparam com a linhagens referência da espécie, com valor de suporte igual a 75% (APÊNDICE 13A). Contudo, para que a delimitação de espécie seja realizada de forma precisa, a análise filogenética deste gênero deve ser embasada no sequenciamento de pelo menos mais dois lócus gênicos - TEF1 e RPB2 (SUN et al., 2016). O gênero *Trichoderma* apresenta crescimento rápido, culturas com coloração variando do branco ao verde-escuro e capacidade de utilizar diversos substratos. Além de inúmeras espécies sintetizarem diversos metabólitos secundários, são importantes agentes utilizados contra fitopatógenos e, portanto, denominados agentes de biocontrole. É frequentemente relatado como gênero predominante em solos de vários ecossistemas, como campos agrícolas, floresta, marismas e deserto (KAMALA et al., 2015; SUN et al., 2016).

Dois gêneros identificados neste estudo são taxonomicamente indefinidos. O isolado CMRP2946 foi identificado como *Acremonium acutatum*

uma vez que formou um clado bem suportado com a linhagem de referência (APÊNDICE 13B). A taxonomia do gênero *Acremonium* é complexa uma vez que anamorfos de inúmeros gêneros compartilham as mesmas características de colônias de crescimento lento, hifa septada, conídios unicelulares estruturados em aglomerados mucóides ou em cadeias não conectadas, propondo que este é um grupo polifilético, contudo a maioria pertence à ordem Hypocreales (SUMMERBELL et al., 2011). O gênero possui membros considerados sapróbios no solo e patógenos de plantas, insetos e outros fungos. Algumas espécies são consideradas oportunistas em humanos e outros mamíferos (PERDOMO et al., 2011). O isolado CMRP2942 foi identificado como *Stilbella byssiseda* (APÊNDICE 13C). Entretanto há poucos relatos sobre o gênero na literatura. Os primeiros trabalhos denotam da década de 80, onde o gênero foi descrito como patógeno mixomicetos (Protozoa) (Seifert, 1985). Uma análise considerando as características morfológicas indica semelhança com o gênero *Cordyceps*, e o agrupam com os fungos claviciptáceos. Contudo há relatos de que a nomenclatura *Stilbella* seja usada como sinônimos de *Polycephalomyces* (WANG et al., 2012). Entretanto bancos de dados como Mycobank e INDEX Fungorum não indicam qual nomenclatura é considerada válida.

A Taxonomia do gênero *Fusarium* dentro da família Nectriaceae se apresenta de forma complexa. O isolado CMRP2877 formou um clado com 100% de identidade com as espécies de *Fusarium* pertencentes ao complexo *fujikuroi* (APÊNDICE 14A). Uma análise multilocus dos genes TEF1, RPB1 e RPB2, bem como a comparação das sequências com banco de dados exclusivos para o gênero são relatadas como etapas primordiais para a delimitação de espécies de *Fusarium* (O' DONNELL et al., 2015). Espécies de *Fusarium* e *Aspergillus* presentes em vários ambientes estão entre os fungos filamentosos que mais causam infecções oportunistas em humanos nos trópicos, além de ser conhecido por apresentar resistência intrínseca a medicamentos (O' DONNELL et al., 2015; TUPAKI-SREEPURNA et al., 2018). Além disso, algumas espécies são agentes causais da fusariose em diversas plantas agricultáveis de valor econômico agregado (ZABKA;PAVELA, 2018).

A identificação de dois gêneros pertencentes à família Ophiocordycipitaceae é relatada nesta pesquisa, *Purpureocillium* e

Tolypocladium. O isolado CMRP2962 foi identificado como *Purpureocillium lilacinum* uma vez que formou um clado com alto valor de suporte como linhagem de referência (APÊNDICE 14C). Este gênero foi proposto para acomodar as linhagens até então identificadas como *Paecilomyces lilacinus* caracterizadas por apresentarem colônias de coloração vinácea, conidióforos espessos e de paredes ásperas e conídios lisos ou ligeiramente ásperos dispostos em longas cadeias. *Paecilomyces lilacinus* é amplamente estudado no setor biotecnológico, uma vez que possui propriedades nematocidas e pela habilidade de causar infecções em humanos e animais (PERDOMO et al., 2012). Enquanto que representantes do gênero *Tolypocladium* se caracterizam por apresentar estroma robusto e ascos de parede única, longos e cilíndricos com uma capa apical pronunciada; os ascósporos são filiformes, septados e tipicamente desarticulados (QUANDT et al., 2014). Com base na análise da região ITS foi possível identificar duas espécies e também duas prováveis novas espécies do gênero *Tolypocladium*. Os isolados CMRP2932, CMRP2941, CMRP2951 e CMRP3409 formaram um clado único e bem suportado com a espécie *Tolypocladium endophyticum* e o isolado CMRP2949 agrupou com *Tolypocladium tropicale* com valor de bootstrap de 85%, enquanto que os isolados CMRP2950 e CMRP3408 formaram um clado distante das demais espécies referência do gênero, porém ainda dentro de *Tolypocladium* (APÊNDICE 14B). Desse modo, a análise de outros genes se faz necessária para que os isolados CMRP2950 e CMRP3408 sejam reconhecidas como novas espécies do gênero, permitindo descrições futuras. O gênero *Tolypocladium* forma um único clado monofilético dentro de Ophiocordycipitaceae que inclui espécies parasitas de trufas, entomopatogênicas, patógenos de rotíferos, micoparasitas e habitantes do solo (QUANDT et al., 2014).

Membros da família Stachybotryaceae, última família da ordem Hypocreales identificada nesta pesquisa, são de maioria sapróbia ou patogênica de plantas e animais, porém alguns representam risco para a saúde humana. São caracterizados por células conidiogênicas fialídicas que produzem conídios uni ou asseptados em massas viscosas ou secas de verde-escuro a preto; o ascocarpo é na forma de peritécio semi ou totalmente imersos no tecido do hospedeiro, com coloração que varia de amarelo claro a laranja ou preto, não

apresentado mudança na presença de KOH (LOMBARD et al., 2016). O isolado CMRP2953 foi identificado como *Albifimbria terrestris* com base no sequenciamento da região ITS e TEF1 α (APÊNDICE 15A). O epíteto específico remete ao substrato de isolamento desta espécie, o qual parece ser o seu nicho ecológico, dado que foi recentemente relatada pela primeira vez de isolamento do solo na China (LOMBARD et al., 2016; FENG et al., 2018).

5.1.9 Ordem Taxonomicamente Indefinida

O isolado CMRP2876 foi identificado como *Xylomelasma* sp. Devido ao fato das duas linhagens do gênero não possuírem sequências de ITS disponível no banco de dados do NCBI e dos autores usarem apenas LSU para delimitação de espécie, a sequência de ITS gerada do isolado CMRP2876 não foi avaliada nesta análise (APÊNDICE 15B). Tanto a ordem, quanto a família desse gênero estão taxonomicamente indefinidas, contudo sabe-se que o mesmo possui características que o agrupam na classe Sordariomycetes (HERNÁNDEZ-RESTREPO et al., 2016). O gênero *Xylomelasma* foi introduzido por Réblová (2006) para acomodar *X. novae-zelandiae* (atualmente *X. sordida*) e *Xylomelasma sordida* ambas descritas como sapróbias de madeira em decomposição. *Xylomelasma shoalensis* foi recentemente descrita a partir de espécimes coletados de madeira no solo (HERNÁNDEZ-RESTREPO et al., 2016). Nesse sentido, o presente estudo traz novas informações sobre os nichos ecológicos ocupados por *Xylomelasma*, além de apresentar o primeiro relato do gênero no sedimento de manguezal brasileiro.

5.1.10 Ordem Microascales

A ordem Microascales é formada por um agrupamento de famílias monofiléticas entre elas, Microascaceae e Graphiaceae (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2016). Membros dessa ordem apresentam ascocarpo de coloração escura e raramente globosos, os ascos surgem sozinhos ou em correntes de maneira irregular e os ascósporos variam de marrom-avermelhado a cor de cobre com poros germinativos (RÉBLOVÁ; GAMS; SEIFERT, 2011). O isolado CMRP2948 agrupou com a linhagem

referência de *Graphium basitruncatum* e foi assim identificado uma vez que a distância genética entre as espécies é de 0,01% o isolado CMRP2880 foi identificado como *Scedosporium dehoogii* dado que agrupou com a linhagem referência da espécie em um clado com 70% suporte, enquanto que o isolado CMRP2934 formou um grupo relacionado com pelo menos duas espécies do gênero *Scopulariopsis*, sendo então identificado como *Scopulariopsis* sp. (APÊNDICE 16 A; B; C, respectivamente).

O gênero *Graphium* foi reorganizado e transferido para família Graphiaceae, uma vez que as espécies apresentaram origem monofilética. As espécies deste gênero são descritas como sapróbias de alburno, ou foram isoladas de besouros e de *Ambrosia* (Asteraceae). Apresenta colônias negras e eretas, às vezes com micélio aéreo na superfície do hospedeiro, os conidióforos são ramificados, geralmente biverticilados com espirais e ápice inchado produzindo conídios de cilíndricos a ovóides, com ápices arredondados, hialinos e de parede cinza (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2016). Algumas espécies do gênero *Scedosporium* são associadas a doenças em humanos especialmente em pacientes imunocomprometidos. Entretanto a espécie *S. dehoogii*, mesmo é considerada de origem ambiental comumente isolada do solo e de locais associados com a alta atividade humana, entretanto apresenta alto potencial patogênico (ALVAREZ; SANHUEZA, 2016; LUPLERTLOP, 2018). O gênero *Scopulariopsis* foi revisado recentemente e de acordo com análise multigênica abriga 12 espécies, entretanto para melhor delimitação de espécies os genes da β -tubulina e do TEF1 devem ser analisados, uma vez que baseado nos dados de sequenciamento de ITS, apenas cinco espécies puderam ser identificadas. As espécies de *Scopulariopsis* são relatadas em diversos substratos incluindo animais, humanos, solo alcalino e tinta para tatuagem (WOUDENBERG et al., 2017).

5.1.11 Ordem Phomatosporales

O isolado CMRP3412 foi identificado com base no alinhamento das regiões ITS e LSU demonstrando ser filogeneticamente relacionado com o gênero *Phomatospora*. Mesmo o valor de suporte de tal agrupamento sendo baixo (25%) CMRP3412 foi denominado de *Phomatospora* sp. (APÊNDICE

17A). Usando dados concatenados das sequências de LSU-ITS-SSU Senanayake et al. (2016) propuseram a ordem Phomatosporales e a família Phomatosporaceae com a finalidade de acomodar os gêneros *Lanspora*, *Phomatospora* e *Tenuimurus* por terem formado um clado distinto das demais ordens em Sordariomycetes. Todavia, as espécies *Lanspora coronata* e *Phomatospora bellaminuta* não possuem sequências de ITS disponíveis no banco de dados, fato este que dificulta a delimitação de espécie no presente estudo, visto que o terceiro gene utilizado pelos autores supracitados não foi avaliado. Sendo assim, é possível propor que a família Phomatosporales necessita de um gene de referência secundário. As espécies do gênero *Phomatospora* são descritas como saprofíticas tanto em ambiente terrestre quanto aquático (SENANAYAKE et al., 2016).

5.1.12 Ordem Sordariales

A ordem Sordariales é representada por fungos com ascocarpo relativamente grande ou superficial com paredes membranosas ou coriáceas (ZHANG et al., 2006). O isolado CMRP2939 se mostrou estreitamente relacionado com a espécie *Chaetomium novozelandicum* com valor de suporte de 91%, sendo, portanto assim identificado (APÊNDICE 17B). O gênero *Chaetomium* foi descrito como um agrupamento monofilético da ordem Sordariales (ZHANG et al., 2006). Este é o gênero referência da família Chaetomiaceae, caracterizado por apresentar numerosas estruturas semelhantes a cerdas no ascocasco, frequentemente largos na base e então afilados, flexíveis e geralmente sem ramificações, septados, ondulados ou enrolados e de coloração castanha (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2016). As espécies de *Chaetomium* são relatadas como onipresentes nos mais diversos ambientes, *C. novozelandicum* primeiramente isolado de material em decomposição também foi relatado em couro cabeludo (WANG et al., 2016).

5.1.13 Ordem Xylariales

Xylariales é a última ordem do filo Ascomycota registrada neste estudo, distribuída em cinco gêneros (APÊNDICE 18; 19). O isolado CMRP2954 foi

identificado como *Arthirinium kogelbergense* uma vez que formou um clado fortemente suportado com a linhagem referência da espécie (APÊNDICE 18A). Este gênero pertence à família Apiosporaceae e possui espécies descritas como endofíticas principalmente em plantas das famílias Poaceae e Cyperaceae ou em alguns casos fitopatógenas, sapróbias ou em alga, como é o caso de *A. kogelbergense* (CROUS; GROENEWALD, 2013; WANG et al., 2018). *Arthirinium* apresenta conidióforos frequentemente agregados em um estroma marrom, formando esporodóquios negros no substrato e conídios variando de castanho a castanho escuro, de lisos a verrucosos, de globosos a fusiformes com fenda equatorial levemente clara (CROUS; GROENEWALD, 2013).

O isolado CMRP2879 agrupou em um clado monofilético bem suportado com duas espécies do gênero *Peroneutypa* (família Diatrypaceae). Apresenta uma distância genética significativa entre os outros membros do agrupamento, dessa forma é possível propor que CMRP2879 pertence a uma nova espécie do gênero (APÊNDICE 18B). Das 13 espécies pertencentes ao gênero, apenas quatro possuem outra região gênica taxonomicamente informativa, a β -tubulina, contudo a descrição de novas espécies tem suporte em características macromorfológicas únicas (SHANG et al., 2018). As espécies de *Peroneutypa* possuem ascos pequenos e em forma de urna com o ápice truncado e um anel muito pequeno desprovido de canal, são mais largos no meio onde os ascósporos tendem a ser agrupados (CARMARÁN; ROMERO; GIUSSANI, 2006). A madeira em decomposição é relatada como nicho ecológico de todas as espécies (CARMARÁN; ROMERO; GIUSSANI, 2006; ALMEIDA; GUSMÃO; MILLER, 2016; SHANG et al., 2017; 2018).

A recentemente restaurada família Hypoxylaceae se caracteriza por ascocarpo peritecial variando de esférico a tubular, com ou sem estroma carbonáceo, ostíolos com ou sem discos formados pelo tecido circundante e ascos com oito ascósporos típicos (WENDT et al., 2017). O isolado CMRP3411 foi identificado como *Annulohypoxyton stygium* uma vez que formou um clado com alto valor de suporte com as sequências de referência (APÊNDICE 18C). As espécies de *Annulohypoxyton* são frequentemente relatadas associadas à madeira em decomposição nas zonas tropicais e subtropicais do mundo, das quais inúmeras tiveram perfil metabólico investigado (KUHNER et al., 2016).

O gênero *Phialemoniopsis* apresenta taxonomia incerta quanto a qual família da ordem Xylariales o mesmo pertence (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2016). Caracteriza-se por colônias marrom ou acinzentado com micélio aéreo esparso ou ausente (PERDOMO et al., 2013). O isolado CMRP2940 foi identificado como *Phialemoniopsis ocularis* com alto valor de suporte no clado (APÊNDICE 19A). Essa espécie está relacionada com patologias em humanos, assim como outras espécies do gênero. No entanto espécies em habitats exclusivamente ambientais também são relatadas (SU; DENG; NIU, 2017).

Sporocadaceae é última família pertencente ao filo Ascomycota relatada nesta pesquisa, a qual acomoda fungos com apêndices nos conídios (LIU et al., 2018). O isolado CMRP2969 formou um clado com 70% de suporte com inúmeras espécies referência do gênero *Neopestalotiopsis*. A árvore filogenética mostrada no presente trabalho é baseada no alinhamento do gene TEF1 α , dado que utilizando apenas os dados de ITS ou dados concatenados de ITS e TEF1 α a resolução taxonômica foi insatisfatória, deste modo o isolado CMRP2969 foi denominado de *Neopestalotiopsis* sp. (APÊNDICE 19B). Este gênero se caracteriza por apresentar conidióforos pouco evidentes ou muitas vezes reduzidos a células conidiogênicas e conídios onde as células medianas se apresentam de cores variadas. As espécies do gênero são descritas como sapróbias, endofíticas incluindo planta de mangue, p.e. *Neopestalotiopsis foedans* e isoladas do solo (MAHARACHCHIKUMBURA et al., 2014).

5.1.14 Classe Agaricomycetes

Todas as famílias aqui descritas do filo Basidiomycota, pertencem a classe Agaricomycetes (APÊNDICE 20; 21). A ordem Polyporales, uma das mais diversas no que diz respeito a formas de basidiocarpos abrange grandes grupos envolvidos na decomposição da madeira (BINDER et al., 2013). Representantes das famílias Meruliaceae e Polyporaceae respectivamente foram identificados na presente pesquisa. O isolado CMRP2883 foi identificado como *Phlebia floridensis*, baseado no sequenciamento da região ITS apresentando alto valor de suporte para o clado (APÊNDICE 20A). Este gênero apresenta himênio liso e espesso com textura cerosa, gelatinosa ou mucóide (PARK et al., 2017). Espécies de *Phlebia* já foram relatadas como endofíticas

de seringueira no Brasil (MARTIN et al., 2015), além de serem fortemente associadas com biomas florestais (PARK et al., 2017). Os isolados CMRP2937 e CMRP3417 formaram um agrupamento monofilético bem suportado com a linhagem referência de *Fomitella supina* sendo assim identificados (APÊNDICE 20B) enquanto que o isolado CMRP3413 com base em dados concatenados da região ITS e do gene RPB2, mostrou-se estritamente relacionado com a espécie *Polyporus tricholoma*, porém a distância genética entre ambos é significativa, sugerindo se tratar de uma nova espécie do gênero *Polyporus* (APÊNDICE 20C). Tanto *Polyporus* quanto *Fomitella* são degradadores de madeira característicos, também conhecidos como fungos da podridão branca (JUSTO et al., 2017).

O último gênero relatado nesta pesquisa pertence à ordem Russulales. Caracteres morfológicos costumam ser suficientes para a identificação de alguns gêneros do filo Basidiomycota. Baseiam-se principalmente em característica do basidiocarpo. Contudo em alguns gêneros dados moleculares estão disponíveis. O isolado CMRP2944 está estritamente relacionado com a linhagem referência de *Peniophora crassitunicata*, contudo foi identificado como *Peniophora* sp., uma vez que a distância genética entre ambas é de 3,5% (APÊNDICE 21). Todavia, a inferência de uma nova espécie do gênero depende diretamente de análises macromorfológicas (ANDREASEN; HALLENBERG, 2009).

5.1.15 Diversidade Fúngica

A elevada diversidade taxonômica relatada nessa pesquisa reflete parte da riqueza de espécies fúngicas existentes no sedimento de manguezal, especialmente por se tratar de uma estimativa não numérica, ou seja, não reflete a abundância das espécies identificadas e sim, descreve a riqueza da comunidade fúngica. Além disso, revela que o manguezal é nicho ecológico de inúmeras espécies relatadas até então como de origem extritamente patogênica, p.e. *Parengyodontium album* e *Phialemoniopsis ocularis*, bem como de espécies isoladas apenas de outros ambientes, configurando como o primeiro relato das mesmas em sedimento de manguezal, p. e. *Cladosporium halotolerans* e *Xylomelasma* sp.

O intenso relato de espécies normalmente descritas como endofíticas ou sapróbias em outros ecossistemas demonstra que a comunidade fúngica presente no sedimento de manguezal está estritamente relacionada com a condição de elevada concentração de matéria orgânica, principalmente a de origem vegetal. Janusz et al. (2017) descreveram que fungos, em especial os lignolíticos, podem configurar como habitantes latentes no tecido vegetal vivo, posteriormente se revelando decompositores primários. Além da intensa carga de material orgânica, a qual reflete em um ambiente quase anóxico, destaca-se a característica desses fungos serem halotolerantes, principalmente gêneros considerados unipresentes p. e. *Aspergillus*, *Cordyceps*, *Fusarium*, *Trichoderma* entre outros.

Dessa forma, dado ao ecossistema geneticamente rico, enfatiza-se o quanto a comunidade fúngica desse ambiente precisa ser mais bem descrita, principalmente na baía de Paranaguá, uma vez que não há estudos nestes locais voltados ao completo entendimento do ecossistema.

5.2 ATIVIDADE ENZIMÁTICA

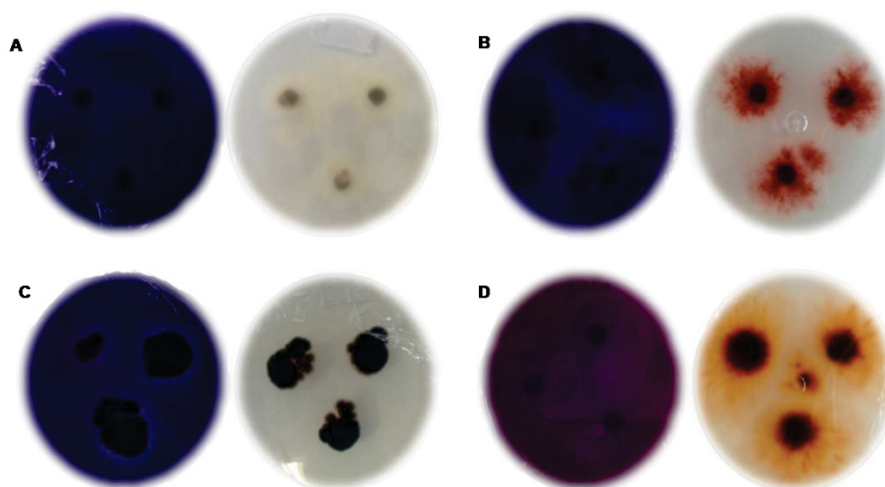
5.2.1 Seleção Qualitativa

A seleção qualitativa dos 68 isolados fúngicos oriundos do sedimento de manguezais da Baía de Paranaguá resultou em 36 fungos capazes de sintetizar enzimas lignolíticas *in vitro* (TABELA 3). Destes, 29 foram positivos quanto à síntese da enzima lacase, quatro para peroxidases e um isolado foi capaz de sintetizar ambas as enzimas (FIGURA 22). Baseado nos dados obtidos, no que diz respeito ao sedimento de manguezal a via enzimática da lacase parece ser a mais empregue pelo metabolismo fúngico. Estudos revelam que fatores nutricionais como a concentração de nitrogênio e carbono, bem como a disponibilidade de íons metálicos no ambiente atuam sobre a regulação da expressão gênica das enzimas lignolíticas (FAN et al., 2011; JANUSZ et al., 2017). Uma vez que tais condições são encontradas no ecossistema de manguezal, pode-se supor que algum desses fatores esteja influenciando positivamente a síntese enzimática da lacase e desse modo,

favorecendo o desenvolvimento dos fungos sintetizadores de lacase em detrimento daqueles que empregam a via das peroxidases.

No presente trabalho, todos os basidiomicetos avaliados apresentaram atividade lignolítica positiva, corroborando com dados já existentes na literatura, principalmente no que diz respeito à síntese de lacase (FAN et al., 2011; AGRAWAL et al., 2017). Além disso, a síntese de enzimas lignolíticas também foi expressiva por parte dos gêneros identificados como membros do filo Ascomycota. Os fungos pertencentes ao filo Basidiomycota são descritos como o grupo mais eficiente no que diz respeito à degradação da madeira, sendo classificados como fungos da degradação-branca (*white-rot fungi*), enquanto que ascomicetos possuem capacidade de degradação limitada e desde modo são classificados como fungos da degradação-branda (*soft-rot fungi*) (JANUSZ et al., 2017). Todavia, de forma geral no ambiente as enzimas lignolíticas sintetizadas pelo metabolismo fúngico são empregadas na degradação da madeira, mais precisamente na oxidação da molécula de lignina gerando substâncias passíveis de assimilação pelo metabolismo intracelular (AGUIAR; FERRAZ, 2011; LEE et al., 2014; JANUSZ et al., 2017). Desse modo, os fungos contribuem ativamente para o ciclo do carbono no solo e conseqüentemente para o equilíbrio de um ecossistema saudável (HARTIKAINEN et al., 2013).

FIGURA 3 – LINHAGENS REPRESENTATIVAS DE ATIVIDADE ENZIMÁTICA



A: *Phialemoniopsis ocularis* – Atividade enzimática negativa; B: *Peroneutypa* sp. – Lacase positiva; C: *Phialophora avicenniae* – Peroxidase positiva; D: *Phlebia floridensis* – Lacase e peroxidase positiva. FONTE: A autora (2019).

As aplicações das enzimas lignolíticas, principalmente as sintetizadas por basidiomicetos, tem se mostrado de grande importância principalmente em duas vertentes da área biotecnológica, a bio-deslignificação e a biorremediação (KNEŽEVIĆ et al., 2013; MASALU, 2014; FARINAS, 2015; FONSECA et al., 2015; GRASSI; ROBLEDO; LEVIN, 2018). Contudo, inúmeros gêneros de ascomicetos também identificados nesta pesquisa têm se revelado como bons produtores enzimáticos.

A espécie *Curvularia clavata* foi estudada quanto a sua capacidade de desfenolização e desintoxicação do efluente gerado em processos de moagem da palma por meio de da síntese enzimática, dentre as quais a enzima hidrolítica xilanase se destacou com produção de até 3.566 U/L (NEOH et al., 2015). O composto orgânico bisfenol A é utilizado como monômero na produção de vários produtos descartáveis potencialmente poluidores do meio ambiente, o gênero *Chaetomium* foi capaz de degradá-lo por completo via síntese de lacase e peroxidase em 8h de incubação (MTIBAÀ et al., 2018).

O fungo identificado pelos autores como *Paraconiothyrium brasiliense*, atualmente renomeado *Didymosphaeria rubi-ulmifolli* (WANASINGHE et al., 2016) apresentou capacidade de descolorir 100% do corante RBBR com cinco dias de incubação, além de ter a produção de lacase aumentada significativamente pela adição de cobre ao meio de cultivo (ARREDONDO-SANTOYO; VÁZQUEZ-GARCIDUEÑAS; VÁZQUEZ- MARRUFO, 2018).

A espécie *Purpureocillium lilacinum* isolada diretamente de amostras de solo contaminado com HPA's, em cultivo *in vitro* a biomassa fúngica foi significativamente aumentada na presença de hexadecano e tolueno. Contudo, a utilização das vias lignolíticas para tal processo foi apesar sugerida (POYNTNER et al., 2017). Diversas espécies de gênero *Trichoderma* além da síntese de lacase observada nesta pesquisa também são capazes de sintetizar celulasas e proteases amplamente utilizadas no setor biotecnológico (MELO, 1996; ZHANG et al., 2016; PARAMJEET; MANASA; KORRAPATI, 2018).

Alguns dos gêneros identificados nesta pesquisa, capazes de sintetizar lacase e, por conseguinte degradar lignina, como *Cordyceps*, *Metarhizium* e *Tolyocladium* também são degradadores de quitina via síntese de enzimas proteolíticas, e por sua vez são descritos como fungos entomopatogênicos

reconhecidamente usados no controle biológico de insetos-pragas (STÜRMER et al., 2004; FLOR-WEILER et al., 2017; BILGO et al., 2018; MWEKE et al., 2018). Além disso, o uso direto do micélio fúngico de *Cordyceps militans* em solo contaminado artificialmente com pireno apresentou resultados promissores voltados a biorremediação de áreas contaminadas com HPA's (MORI et al., 2015).

Dentre os basidiomicetos identificados neste trabalho, a espécie *Phlebia floridensis* se mostrou capaz de sintetizar lacase e peroxidase simultaneamente, assim como outras espécies do gênero (FONSECA et al., 2015). Basidiomicetos em geral, aparecem em uma gama de estudos voltados à degradação da lignina, bem como aplicações de enzimas lignolíticas em processos biotecnológicos apresentando resultados muito promissores (MARTINS et al., 2002; COELHO-MOREIRA et al., 2013; WINQUIST et al., 2014; KARP et al., 2015; LAZIM; HADIBARATA, 2016; ZHAO ET AL., 2016; GRASSI; LOBLEDO; LEVIN, 2018).

Apesar de muitos dos gêneros isolados já apresentarem uma boa série de estudos relacionando a síntese de fenolosidases com processos de biorremediação ou aplicação industrial, alguns dos gêneros identificados não são relatados e/ ou são pouco estudados. Neste contexto podemos destacar a espécie *Nigrograna mackinnonii* capaz de produzir hidrocarbonetos de cadeia média (SHAW et al., 2015). O gênero *Paraphaeosphaeria* descrito como fungo endofítico de plantas da família Rosaceae (WANASINGHE et al., 2018). O gênero *Albifimbria*, cuja família foi recentemente revisada (LOMBARD et al., 2016). O gênero *Epicoccum* capaz de crescer em meio de cultura suplementado com metais pesados (HARTIKAINEN; HATAKKA; KAHKONEN, 2015). A espécie de basidiomiceto *Fomitella supina*, já classificada como fungo de degradação-branca, porém pouco explorada (MOTATO-VÁSQUEZ et al., 2016). A espécie *Phialophora avicenniae* descrita como fungo endofítico de planta de mangue (LIU et al., 2013). Os gêneros *Peroneutypa*, *Pyrenochaetopsis* e *Cytospora*, além daqueles cuja identificação em nível de gênero não foi possível com o sequenciamento da região ITS1-5,8S-ITS2.

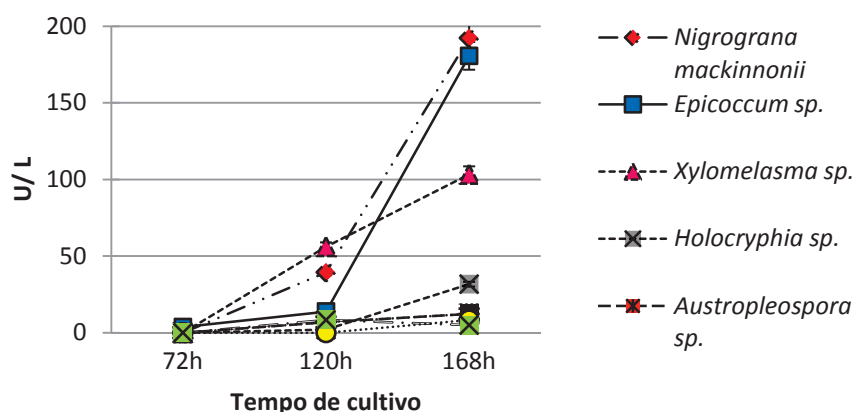
5.2.2 Produção Enzimática em Cultivo Submerso

A seleção qualitativa para síntese de enzimas lignolíticas resultou em 36 linhagens positivas, das quais 14 foram cultivadas em meio líquido tendo farelo de trigo como substrato para a produção enzimática (TABELA 3). Dentre as 14 linhagens avaliadas, oito apresentaram atividade de lacase, enquanto que nenhuma linhagem produziu peroxidases nas condições de cultivo testadas.

As linhagens *Nigrograna mackinnonii* CMRP3414, *Epicoccum* sp. CMRP2884 e *Xylomelasma* sp. CMRP2876 foram os organismos que apresentaram a maior produção enzimática em 168h de incubação, 192,2 U/L, 180,5 U/L e 103,4 U/L respectivamente (GRÁFICO 1). Em condições de cultivo semelhante às utilizadas nessa pesquisa, o ascomiceto *Xylaria* sp. isolado de madeira em decomposição foi capaz de produzir 1929 U/L^{-1} de lacase no oitavo dia de incubação, utilizando-se de farelo de trigo como única fonte de carbono disponível (CASTAÑO; CRUZ; TORRES, 2015). Geralmente, tais valores enzimáticos são obtidos em cultivo de basidiomicetos (ELISASHVILI et al., 2010; KACHLISHVILI et al., 2012; SONGULASHVILI et al., 2015).

Produção enzimática semelhante à relatada nesta pesquisa foi obtida no cultivo do também ascomiceto, *Paraconiothyrium brasiliense* em caldo batata como substrato suplementado com $150 \mu\text{M}$ de sulfato de cobre. A máxima produção enzimática foi alcançada no 5º dia de incubação, $46,8 \text{ U/L}$ de lacase apresentando decréscimo gradual da atividade até o 10º dia (ARREDONDO-SANTOYO; VÁZQUEZ-GARCIDUEÑAS; VÁZQUEZ - MARRUFO, 2018).

GRÁFICO 1 – PRODUÇÃO ENZIMÁTICA DE LACASE EM CULTIVO SUBMERSO



FONTE: A autora (2019)

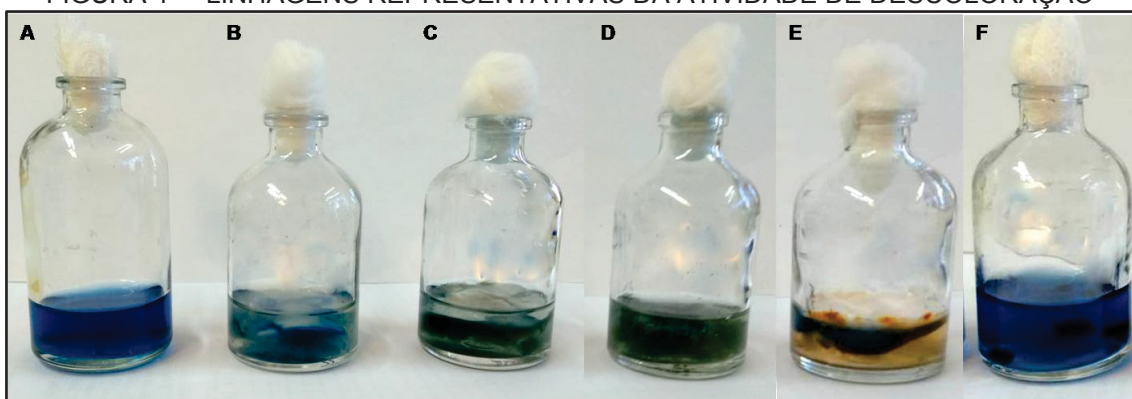
As demais linhagens apresentaram baixa produção enzimática nas condições de cultivo testadas com valores inferiores a 40U/L. Todavia, a produção enzimática é passível de ser melhorada, otimizando as condições de cultivo. Diferentes fontes de carbono e nitrogênio são os fatores nutricionais mais avaliados em estudos voltados a otimização da produção enzimática em condições laboratoriais. Resíduos agroindustriais, como o bagaço da cana de açúcar que possui grande quantidade de açúcar disponível apresentando grande potencial para a produção de lacase (AGUIAR; FERREIRA; ROSIM, 2010; CHEN et al., 2011; KAKKAD et al., 2015; KARP et al., 2015; SHRESTHA et al., 2015). Além disso, estudos mostram que diferentes concentrações de cobre podem aumentar significativamente a produção enzimática, dado que tal íon pode atuar como indutor da síntese (HOU et al., 2004; FAN et al., 2011; KUMAR et al., 2011; COPETE et al., 2015). A ausência de luz durante o cultivo também se mostrou favorável a síntese de lacase. Espécies de *Polyporus* foram mais predispostas a formar corpos de frutificação na presença de luz contínua, enquanto que na ausência de luz a produção de lacase foi estimulada. Tal condição pode estar ligada ao mecanismo fúngico de reconhecimento ambiental onde a presença de luz indicaria um ambiente externo à madeira e, portanto, lacases não seriam necessárias (GRASSI; ROBLEDO; LEVIN, 2018).

Poucos são os estudos voltados à produção enzimática por diferentes espécies de ascomicetos, os quais já se revelaram metabolicamente eficientes. Todavia, processos de otimização das condições de cultivo se faz necessário para que a produção enzimática seja satisfatória (CASTAÑO; CRUZ; TORRES, 2015; COPETE et al., 2015; SHRESTHA et al., 2015). Assim sendo, as linhagens avaliadas neste trabalho possuem potencial para aplicação em processos de otimização que visem melhorar a produção enzimática da lacase, bem como propor o uso direto da enzima nativa em aplicações biotecnológicas. Principalmente no que diz respeito ao fato das linhagens avaliadas pertencerem a grupos taxonômicos pouco explorados no setor biotecnológico.

5.2.3 Descoloração do Azul de Remazol Brilhante R em Cultivo Submerso.

As mesmas 14 linhagens positivas na seleção qualitativa e cultivadas em meio líquido com farelo de trigo para a produção enzimática foram avaliadas quanto à capacidade de descolorirem o corante antraquinônico Azul de Remazol Brilhante R (RBBR) (TABELA 3). Das 14 linhagens fúngicas cultivadas em meio para descoloração, dez foram capazes de descolorir o meio de cultivo no período mínimo de 144h e as demais linhagens não mostraram crescimento micelial durante 15 dias de incubação (FIGURA 23).

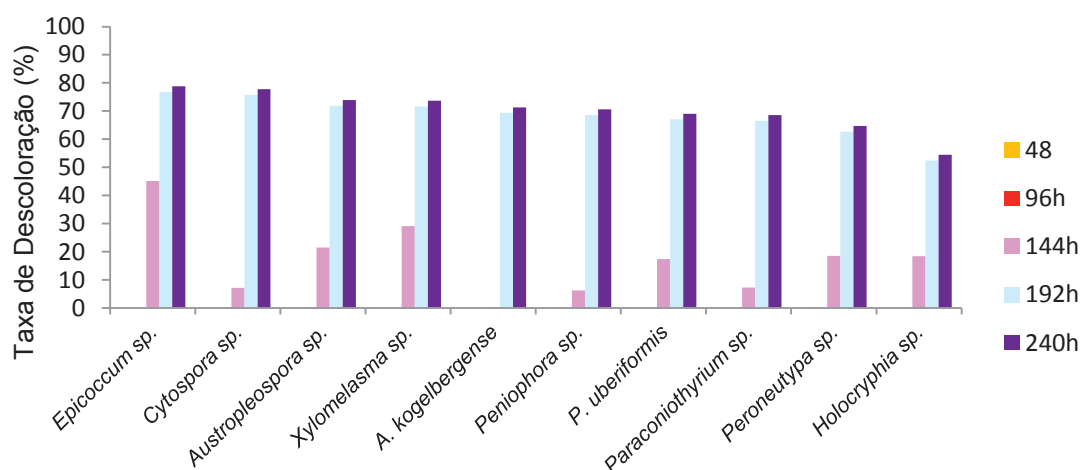
FIGURA 4 – LINHAGENS REPRESENTATIVAS DA ATIVIDADE DE DESCOLORAÇÃO



A: Branco; B: *Austropleospora* sp.; C: *Paraconiothyrium* sp.; D: *Cytospora* sp.; E: *Epicoccum* sp.; F: *Cladosporium* (atividade negativa). FONTE: A autora (2019)

A descoloração do corante RBBR foi detectada com 144h de incubação e apresentou crescimento gradual até 192h, após este período a taxa de descoloração se manteve estacionária (GRÁFICO 2).

GRÁFICO 2 – DESCOLORAÇÃO DO RBBR EM CULTIVO SUBMERSO



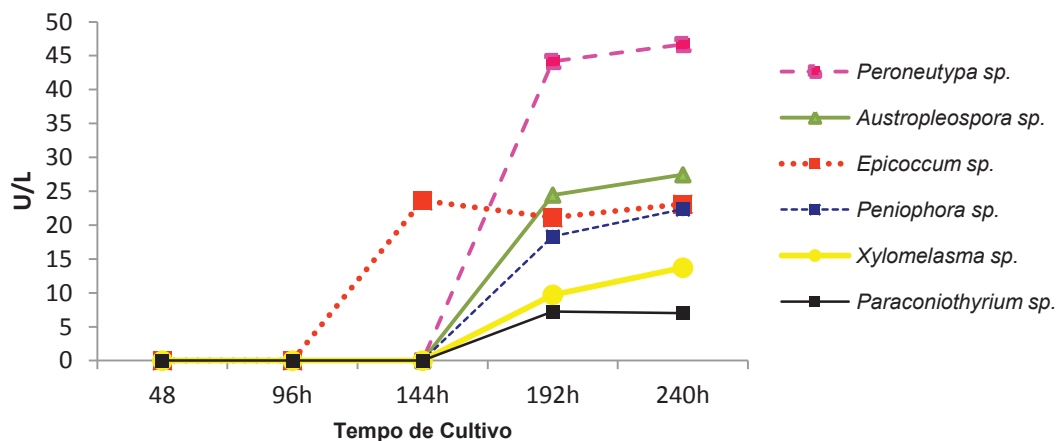
FONTE: A autora (2019)

A linhagem *Epicoccum* sp. CMRP2884 apresentou a maior taxa de descoloração em 144h (45,14%), seguido da linhagem *Xylomelasma* sp. CMRP2876 (29,13%) e da *Austropleospora* sp. CMRP2938 (21,47%). A taxa de descoloração das demais linhagens avaliadas foi inferior a 20%. Contudo, com 192h de incubação foi possível observar que todas as linhagens apresentaram um aumento significativo na taxa de descoloração, a qual se manteve constante até o período avaliado de 240h de incubação.

A taxa de descoloração das linhagens *Epicoccum* sp. CMRP2884, *Cytospora* sp. CMRP 2945, *Xylomelasma* sp. CMRP2876 e *Austropleospora* sp. CMRP2938 foi superior a 70%, seguida das espécies *Arthrinium kogelbergense* CMRP2954, *Peniophora* sp. CMRP2944, *Pyrenochaetopsis uberiformis* CMRP2930, *Paraconiothyrium* sp. CMRP2885 e *Peroneutypa* sp. CMRP2879 com 60% e da linhagem *Holocryphia* sp. CMRP2952 com 52, 47%.

Todos os extratos foram avaliados quanto à presença de enzimas lignolíticas, ou seja, lacase, lignina e manganês peroxidase, durante o período de cultivo. A atividade de lacase foi a única detectada, a partir de 144h de incubação na linhagem *Epicoccum* sp. CMRP2884 e de 192h nas linhagens *Peroneutypa* sp. CMRP2879, *Austropleospora* sp. CMRP2938, *Peniophora* sp. CMRP2944, *Xylomelasma* sp. CMRP2876 e *Paraconiothyrium* sp. CMRP2885 (GRÁFICO 3). Estes dados sugerem que a descoloração do corante RBBR não ocorreu via enzimas lignolíticas nas linhagens *Cytospora* sp. CMRP 2945, *Holocryphia* sp. CMRP2952, *Arthrinium kogelbergense* CMRP2954 e *Pyrenochaetopsis uberiformis* CMRP2930, uma vez que tal relação não foi positiva, desse modo a capacidade de descoloração por essas espécies precisa ser mais bem avaliada.

GRÁFICO 3 – ATIVIDADE ENZIMÁTICA DE LACASE NA PRESENÇA DO CORANTE RBBR



FONTE: A autora (2019)

O fato da linhagem *Epicoccum sp.* CMRP2884 ter sido a única em que a taxa de descoloração correspondeu com a atividade de lacase tanto em 144h quanto em 192h sugere que, neste caso a via da lacase pode estar envolvida no processo de descoloração do RBBR. Todavia, esta correlação não foi observada nas demais linhagens positivas indicando que outra enzima pode estar sendo responsável por esse processo, a qual não foi avaliada na presente pesquisa, p.e. peroxidase versátil (PV) e peroxidase *dye-decolorizing* (DyP), ou ainda, sugerindo que no período de 144h os níveis de enzimas disponíveis no meio estejam abaixo de valores detectáveis.

De fato, em inúmeros trabalhos a taxa de descoloração de diferentes corantes esta associada à síntese de enzimas lignolíticas (KUMAR et al., 2011; DARVISHI et al., 2018). Em cultivo submerso em caldo batata suplementado com 1mM de sulfato de cobre e 150mg/L do corante RBBR a espécie *Paraconiothyrium brasiliense* apresentou 100% de descoloração em cinco dias de incubação sob agitação, resultado este que coincidiu com o pico de atividade enzimática, 46,8 U/L de lacase (ARREDONDO-SANTOYO; VÁZQUEZ-GARCIDUEÑA; VÁRQUEZ-MARRUFO, 2018).

Contraditoriamente, uma relação negativa também é descrita. Estudo realizado associando a taxa de descoloração com a capacidade de degradação de HPA's mostrou nem sempre haver correlação entre os níveis de atividade enzimática com a descoloração do RBBR, contudo os autores relatam que o meio de cultura pode ter influenciado diretamente nos resultados, devido à fonte de nitrogênio ser limitada. Ainda assim, ressaltaram que o uso de

compostos xenobióticos como substratos pode induzir a atividade enzimática (LEE et al., 2014). Em cultivo avaliando diferentes concentrações de corante, foi relatado que a taxa de descoloração foi inversamente proporcional a concentração de corante, fato este associado aos níveis de toxicidade proporcionados pelo corante ao metabolismo fúngico. Além disso, as melhores taxas de descoloração foram no intervalo de 30-40°C e as dosagens enzimáticas foram negativas para as enzimas lignolíticas, indicando que as espécies avaliadas não degradaram o corante por esta via enzimática (TAHA et al., 2014).

Independente da via enzimática envolvida na descoloração do corante têxtil RBBR, foi possível concluir que algumas das linhagens avaliadas nesta pesquisa são capazes de assimilar compostos xenobióticos, de modo a utilizá-los em seu metabolismo. Todavia, a otimização do processo de obtenção enzimática se faz necessária uma vez que a demanda por novas fontes enzimáticas no setor biotecnológico, principalmente no que diz respeito ao tratamento de efluentes têxteis, é relatada como de grande importância

6 CONCLUSÃO

Os dados obtidos neste estudo demonstram a diversidade taxonômica dos fungos existentes no sedimento de manguezais na baía de Paranguá, bem como descreve este ecossistema como nicho ecológico de inúmeros gêneros até então não relatados neste ambiente. Além disso, revela novas espécies associadas ao sedimento, provavelmente envolvidas na degradação da lignina estabelecendo uma relação entre a riqueza e a funcionalidade da comunidade fúngica.

Os dados também indicam que os fungos associados a este ecossistema apresentam potencial biotecnológico, especialmente no tratamento de efluentes têxteis. Contudo, este potencial precisa ser mais bem avaliado e voltado à otimização da produção enzimática.

REFERÊNCIAS

- AGRAWAL, N.; VERMA, P.; SINGH, R. S.; SHAHI, S. K. Ligninolytic enzyme production by white rot fungi *Podoscypha elegans* strain FTG4. **International Journal of Current Microbiology and Applied**, v. 6, n. 5, p. 2757-2764, 2017.
- AGUIAR, A.; FERRAZ, A. Mecanismos envolvidos na biodegradação de materiais lignocelulósicos e aplicações tecnológicas correlatas. **Quimica Nova**, v. 34, n.10, p. 1729–1738, 2011.
- AGUIAR, M. M.; FERREIRA, L. F. R.; MONTEIRO, R. T. R. Use of vinasse and sugarcane bagasse for the production of enzymes by lignocellulolytic fungi. **Braz. Arch. Biol. Technol.** v. 53, n. 5, p.1245-1254, 2010.
- ALMEIDA, D. A. C.; GUSMÃO, L. F. P.; MILLER, A. N. Taxonomy and molecular phylogeny of Diatrypaceae (Ascomycota, Xylariales) species from the Brazilian semi-arid region, including four new species. **Mycological Progress**, v. 15, n. 53, 2016. <http://doi.org/10.1007/s11557-016-1194-8>
- ALMEIDA, D. G.; DA SILVA, M. DA G. C.; DO NASCIMENTO BARBOSA, R.; DE SOUZA PEREIRA SILVA, D.; DA SILVA, R. O.; DE SOUZA LIMA, G. M.; GUSMÃO, B. N.; SOUSA, M. DE F. V. Q. Biodegradation of marine fuel MF-380 by microbial consortium isolated from seawater near the petrochemical Suape Port, Brazil. **International Biodeterioration and Biodegradation**, v. 116, p. 73–82, 2017. <http://doi.org/10.1016/j.ibiod.2016.09.028>
- ALONGI, D. M. Present state and future of the worlds mangrove forests. **Environmental Conservation**, v. 29, n. 3, p. 331–349, 2002.
- ALSHEIKH-HUSSAIN, A.; ALTENAIJI, E. M.; YOUSEF, L. F. Fungal cellulases from mangrove forests - a short review. **Journal of Biochemical Technology**, v. 5, n. 3, p. 765-774, 2014.
- AMEEN, F.; MOSLEM, M.; HADI, S.; AL-SABRI, A. E. Biodegradation of diesel fuel hydrocarbons by mangrove fungi from Red Sea Coast of Saudi Arabia. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 23, n. 2, p. 211–218, 2016.
- ANDREOTE, F. D.; JIMÉNEZ, D. J.; CHAVES, D.; DIAS, A. C. F.; LUVIZOTTO, D. M.; DINI-ANDREOTE, F.; FASANELLA, C.C.; LOPEZ, M. V.; BAENA, S.; TAKETANI, R. G.; MELO, I. S. The microbiome of Brazilian mangrove sediments as revealed by metagenomics. **PLoS ONE**, v. 7, n. 6, 2012.
- ARFI, Y.; MARCHAND, C.; WARTEL, M.; RECORD, E. Fungal diversity in anoxic-sulfidic sediments in a mangrove soil. **Fungal Ecology**, v. 5, n. 2, p. 282–285, 2012. <http://doi.org/10.1016/j.funeco.2011.09.004>.
- ARREDONDO-SANTOYO, M.; VÁZQUEZ-GARCIDUEÑAS, M. S.; VÁZQUEZ-MARRUFO, G. Identification and characterization of the biotechnological potential of a wild strain of *Paraconiothyrium* sp. **Biotechnology Progress**,

2018.

ATTILI-ANGELIS, D.; DUARTE, A. P. M.; PAGNOCCA, F. C.; NAGAMOTO, N. S.; VRIES, M. DE.; STIELOW, J. B.; HOOG, G. S. DE. Novel *Phialophora* species from leaf-cutting ants (tribe *Attini*). *Fungal Diversity*, 2014.

BENSCH, K.; BRAUN, U.; GROENEWALD, J. Z.; CROUS, P. W. The Genus *Cladosporium*. **Studies in Mycology**, v. 72, p. 1–401, 2012.

BENSCH, K.; GROENEWALD, J. Z.; BRAUN, U.; DIJKSTERHUIS, J.; YÁÑEZ-MORALES, M. J.; CROUS, P. W. Common but different: The expanding realm of *Cladosporium*. **Studies in Mycology**, v. 82. p. 23–74, 2015.

BENSCH, K.; GROENEWALD, J. Z.; DIJKSTERHUIS, J.; ANDERSEN, B.; SUMMERELL, B. A.; SHIN, H.; DUGAN, F. M.; SCHROERS, H. J.; BRAUN, U.; CROUS, P. W. Species and ecological diversity within the *Cladosporium cladosporioides* complex (Davidiellaceae, Capnodiales). **Studies in Mycology**, v. 67, p. 1–94, 2010. <http://doi.org/10.3114/sim.2010.67.01>

BENSCH K.; GROENEWALD, J. Z.; MEIJER, M.; DIJKSTERHUIS, J.; JURJEVIC, Ž.; HOUBRAKEN, J.; CROUS, P. W.; SAMSON, R. A. *Cladosporium* species in indoor environments. **Studies in Mycology**, 2018.

BILGO, E.; LOVETT, B.; LEGER, R. J. ST.; SANON, A.; DABIRÉ, R. K.; DIABATÉ, A. Native entomopathogenic *Metarhizium* spp. from Burkina Faso and their virulence against the malaria vector *Anopheles coluzzii* and non-target insects. **Parasites and Vectors**, v. 11, p. 11-209, 2018.

BINDER, M.; JUSTO, A.; RILEY, R.; SALAMOV, A.; LOPEZ-GIRALDEZ, F.; SJÖKVIST, E.; COPELAND, A.; FOSTER, B.; SUN, H.; LARSSON, E.; LARSSON, K-H.; TOWNSEND, J.; GRIGORIEV, I. V.; HIBBETT, D. S. Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. **Mycologia**, v. 105, n. 6, p. 1350-1373, 2013. <http://doi.org/10.3852/13-003>.

CARMARÁN, C. C.; ROMERO, A. I.; GIUSSANI, L. M. An approach towards a new phylogenetic classification in Diatrypaceae. **Fungal Diversity**, v. 23, p. 67-87, 2006.

CARVALHO, W., CANILHA, L., FERRAZ, A., MILAGRES, A. M. F. Uma visão sobre a estrutura, composição e biodegradação da madeira - Revisão. **Química Nova**, v. 32, n. 8, p. 2191–2195, 2009.

CASTAÑO, J. D.; CRUZ, C.; TORRES, E. Purification and characterization of a laccase from the native fungus *Xylaria* sp. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**. v. 1, 2015. <http://doi.org/10.1016/j.bcab.2015.09.012>

CASTELLA, R. M. B.; CASTELLA, P. R.; FIGUEIREDO, D. C. S.; QUEIROZ, S. M. P. **Paraná - Mar e Costa. Subsídios ao ordenamento das áreas estuarina e costeira do Paraná**. Secretaria de Estado do Meio Ambiente e Recursos Hídricos - SEMA. 1ª ed. Curitiba, 2006.

CHAN, J. F. W.; LAU, S. K. P.; YUEN, K.-Y.; WOO, P. C. Y. *Talaromyces (Penicillium) marneffeii* infection in non-HIV-infected patients. **Emerging Microbes and Infections**, v. 5, p. 19. 2016. <http://doi.org/10.1038/emi.2016.18>

CHEN, A. J.; FRISVAD, J. C.; SUN, B. D.; VARGA, J.; KOCSUB, S.; DIJKSTERHUIS, J.; KIM, D. H.; HONG, S. B.; HOUBRAKEN, J.; SAMSON, R. R. *Aspergillus* section *Nidulantes* (formerly *Emericella*): Polyphasic taxonomy, chemistry and biology. **Studies in Mycology**, v. 84, p. 1–118, 2016.

CHEN, H. Y.; XUE, D. S.; FENG, X. Y.; YAO, S. J. Screening and production of ligninolytic enzyme by a marine-derived fungal *Pestalotiopsis* sp. J63. **Applied Biochemistry and Biotechnology**, v. 165, p. 1754–1769, 2011.

CHEN, M.; ZENG, J.; DE HOOG, G. S.; STIELOW, B.; ENDE, A. H. G. G. V.; LIAO, W.; LACKNER, M. The ‘species complex’ issue in clinically relevant fungi: A case study in *Scedosporium apiospermum*. **Fungal Biology**. 2015.

CHEN, Q.; HOU, L.W.; DUAN, W.J.; CROUS, P.W.; CAI, L. Didymellaceae revisited. **Studies in Mycology**, v. 87, p. 105-159, 2017.

CHEN, W. H.; HAN, Y. F.; LIANG, J. D.; LIANG, Z. Q.; JIN, D. C. *Metarhizium dendrolimatilis*, a novel *Metarhizium* species parasitic on *Dendrolimus* sp. larvae. **Mycosphere**, v. 8, n.1, p. 31–37, 2017.

COELHO-MOREIRA, J. D. S.; BRACHT, A.; SOUZA, A. C. S.; OLIVEIRA, R. F.; NAKANISHI, A. B. SÁ.; SOUZA, C. G. M.; PERALTA, R. M. Degradation of diuron by *Phanerochaete chrysosporium*: Role of ligninolytic enzymes and cytochrome P450. **BioMed Research International**, p. 9, 2013.

COPETE, L. S.; CHANAGÁ, X.; BARRIUSO, J.; LÓPEZ-LUCENDO, M. F.; MARTÍNEZ, M. J.; CAMARERO, S. Identification and characterization of laccase-type multicopper oxidases involved in dye-decolorization by the fungus *Leptosphaerulina* sp. **BMC Biotechnology**, v. 15, n. 74, 2015

COSTA, I. P. M. W.; MAIA, L. C.; CAVALCANTI, M. A. Diversity of leaf endophytic fungi in mangrove plants of northeast Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, p. 1165–1173, 2012.

CROUS, P. W.; GROENEWALD, J. Z. A phylogenetic re-evaluation of *Arthrimum*. **IMA Fungus**, v. 4, n. 1, p. 133–154, 2013.

DARVISHI, F.; MORADI, M.; JOLIVALT, C.; MADZAK, C. Laccase production from sucrose by recombinant *Yarrowia lipolytica* and its application to decolorization of environmental pollutant dyes. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 165, p. 278–283, 2018.

DECOCK, G.; DELGADO-RODRÍGUEZ, G.; BUCHET, S.; SENG, J. M. A new species and three new combinations in *Cyphellophora*, with a note on the taxonomic affinities of the genus, and its relation to *Kumbhamaya* and

Pseudomicrodochium. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 84, p. 209-216, 2003.

D'SOUZA, D. T.; TIWARI, R.; SAH, A. K.; RAGHUKUMAR, C. Enhanced production of laccase by a marine fungus during treatment of colored effluents and synthetic dyes. **Enzyme and Microbial Technology**, v. 38, p. 504–511, 2006. <http://doi.org/10.1016/j.enzmictec.2005.07.005>

EBEAD, G. A.; OVERY, D. P.; BERRUÉ, F.; KERR, R. G. *Westerdykella reniformis* sp. nov., producing the antibiotic metabolites melinacidin IV and chetracin B. **IMA Fungus**, v. 3, n. 2, p. 189–201, 2012.

ELISASHVILI, V.; KACHLISHVILI, E.; KHardZIANI, T.; AGATHOS, S. N. Effect of aromatic compounds on the production of laccase and manganese peroxidase by white-rot basidiomycetes. **J Ind Microbiol Biotechnol**, v. 37, p. 1091–1096, 2010. <http://doi.org/10.1007/s10295-010-0757-y>

FAN, F.; ZHUO, R.; SUN, S.; WAN, X.; JIANG, M.; ZHANG, X.; YANG, Y. Cloning and functional analysis of a new laccase gene from *Trametes* sp. 48424 which had the high yield of laccase and strong ability for decolorizing different dyes. **Bioresource Technology**, v. 102, p. 3126–3137, 2011.

FARINAS, C. S. Developments in solid-state fermentation for the production of biomass-degrading enzymes for the bioenergy sector. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 52, p. 179–188, 2015.

FASANELLA, C. C.; DIAS, A. C. F.; RIGONATO, J.; FIORE, M. F.; SOARES JR, F. L.; MELO, I. S.; PIZZIRANI-KLEINER, A. A.; ELSAS, J. D. V.; ANDREOTE, F. D. The selection exerted by oil contamination on mangrove fungal communities. **Water, Air, and Soil Pollution**, v. 223, p. 4233–4243, 2012. <http://doi.org/10.1007/s11270-012-1187-4>

FLOR-WEILER, L. B.; ROONEY, A. P.; BEHLE, R. W.; MUTURI, E. J. Characterization of *Tolypocladium cylindrosporum* (Hypocreales: Ophiocordycipitaceae) and its impact against *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* eggs at low temperature. **Journal of the American Mosquito Control Association**, v. 33, n. 3, p. 184-192, 2017.

FONSECA, M. I.; ZAPATA, P. D.; VILLALBA, L. L.; FARIÑA, J. I. Characterization of the oxidative enzyme potential in wild white rot fungi from the subtropical forest of misiones (Argentina). **Acta Biológica Colombiana**, v. 2, n. 1, p. 47–56, 2015.

GAO, L.; M. A., Y.; ZHAO, W.; WEI, Z.; GLEASON, M. L.; CHEN, H.; HAO, L.; SUN, G.; ZHANG, R. Three new species of *Cyphellophora* (Chaetothyriales) associated with sooty blotch and flyspeck. **PLOS ONE**, v. 10, n. 9, 2015.

GAO, Z.; RUAN, L.; CHEN, X.; ZHANG, Y.; XU, X. A novel salt-tolerant endo- β -1,4-glucanase Cel5A in *Vibrio* sp. G21 isolated from mangrove soil. **Appl Microbiol Biotechnol**, v. 87, p. 1373–1382, 2010.

GHIZELINI, A. M.; MENDONÇA-HAGLER, L. C. S.; MACRAE, A. Microbial diversity in Brazilian mangrove sediments- a mini review. **Brazilian Journal of Microbiology**, p. 1242-1254, 2012.

GHOSH, A.; DEY, N.; BERA, A.; TIWARI, A.; SATHYANIRANJAN, K. B.; CHAKRABARTI, K.; CHATTOPADHYAY, D. Culture independent molecular analysis of bacterial communities in the mangrove sediment of Sundarban, India. **Saline Systems**, v. 6, n. 1, 2010. <http://doi.org/10.1186/1746-1448-6-1>

GIRI, C.; OCHIENG, E.; TIESZEN, L. L.; ZHU, Z.; SINGH, A.; LOVELAND, T.; MASEK, J.; DUKE, N. Status and distribution of mangrove forests of the world using earth observation satellite data. **Global Ecology and Biogeography**, 2010. <http://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2010.00584.x>

GOMES, D. N. F.; CAVALVANTI, M. A. de Q.; PASSAVANTE, J. Z. de O. Fungos filamentosos isolados de sedimento do manguezal Barra das Jangadas, Jaboatão dos Guararapes, Pernambuco, Brasil. **Tropical Oceanography**, p. 69–78, 2011. doi.10.5914/to.2011.0053

GOMES, R. R.; VICENTE, V. A.; AZEVEDO, C M P S DE.; SALGADO, C.G.; SILVA, M. B. DA; QUEIROZ-TELLES, F.; MARQUES, S. G.; SANTOS, D. W. C. L.; ANDRADE, T. S.; TAKAGI, E. H.; ...HOOG, G. S. de. Molecular epidemiology of agents of human chromoblastomycosis in Brazil with the description of two novel species. **PLOS Negl Trop Dis**, v. 10, n. 11, p. 1–20. 2016. <http://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005102>

GORDON, R. A.; SUTTON, D. A.; THOMPSON, E. H.; SHRIKANTH, V.; VERKLEY, G. J. M.; STIELOW, J. B.; MAYS, R.; OLESKE, D.; MORRISON, L. K.; LAPOLLA, W.J.; GALFIONE, S.; TYRING, S.; SAMATHANAM, C. A.; FU, J.; WICKES, B. L.; MULANOVICH, V.; WANGER, A.; ARIAS, C. A. Cutaneous phaeohyphomycosis caused by *Paraconiothyrium cyclothyrioides*. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 50, n. 11, p. 3795–3798, 2012.

GRASSI, E.; ROBLEDO, G.; LEVIN, L. Influence of light on lignin-degrading activities of fungal genus *Polyporus* s. str. **Journal of Basic Microbiology**, 2018. <http://doi.org/10.1002/jobm.201800183>.

HAMMEL, K. E.; CULLEN, D. Role of fungal peroxidases in biological ligninolysis. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 11, p. 349–355, 2008.

HARTIKAINEN, E. S.; HATAKKA, A.; KAHKONEN, M. Impact of cadmium, chromium, cobalt, lithium and manganese to the growth of fungi and production of enzymes. **Expert Opin Environ Biol**, v. 2, n. 3, 2013.

HOLGUIN, G.; VAZQUEZ, P.; BASHAN, Y. The role of sediment microorganisms in the productivity, conservation, and rehabilitation of mangrove ecosystems: An overview. **Biology and Fertility of Soils**, v. 33, p. 265–278, 2001. <http://doi.org/10.1007/s003740000319>

HOUBRAKEN, J.; SAMSON, R. A. Phylogeny of *Penicillium* and the

segregation of Trichocomaceae into three families. **Studies in Mycology**, v. 70, p. 1-51, 2011.

HOU, H.; ZHOU, J.; WANG, J.; DU, C.; YAN, B. Enhancement of laccase production by *Pleurotus ostreatus* and its use for the decolorization of anthraquinone dye. **Process Biochemistry**, v. 39, p. 1415–1419, 2004.

ISAH A. U.; ABDULRAHEEM, G.; BALA, S.; MUHAMMAD, S.; ABDULLAHI, M. Kinetics, equilibrium and thermodynamics studies of C.I. Reactive Blue 19 dye adsorption on coconut shell based activated carbon. **International Biodeterioration & Biodegradation**, p. 1–9, 2015.

JAKLITSCH, W. M.; FOURNIER, J.; VOGLMAYR, H. Two unusual new species of Pleosporales: *Anteaglonium rubescens* and *Atrocalyx asturiensis*. **Sydowia**, v. 70, p. 129–140, 2018. <http://doi.org/10.12905/0380.sydowia70-2018-0129>

JAKLITSCH, W. M.; VOGLMAYR, H. Hidden diversity in *Thyridaria* and a new circumscription of the Thyridariaceae. **Studies in Mycology**, v. 85, p. 35–64, 2016. <http://doi.org/10.1016/j.simyco.2016.09.002>

JANUSZ, G.; KUCHARZYKB, K. H.; PAWLIK, A.; STASZCZAK, M.; PASZCZYNSKI, A. Fungal laccase, manganese peroxidase and lignin peroxidase: Gene expression and regulation. **Enzyme and Microbial Technology**, v. 52, p. 1–12, 2013.

JANUSZ, G.; PAWLIK, A.; SULEJ, J.; SWIDERSKA-BUREK, U.; JAROSZ-WILKOŁAZKA, A.; PASZCZYNSKI, A. Lignin degradation: microorganisms, enzymes involved, genomes analysis and evolution. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 41, p. 941–962, 2017. <http://doi.org/10.1093/femsre/fux049>

JUSTO, A.; MIETTINEN, O.; FLOUDAS, D.; ORTIZ-SANTANA, B.; SJOKVIST, E.; LINDNER, D.; NAKASONE, K.; NIEMELA, T.; LARSSON, K.-H.; RYVARDEN, L.; HIBBETT, D. S. A revised family-level classification of the Polyporales (Basidiomycota). **Fungal Biology**, v. 121, p. 798-824, 2017.

KACHLISHVILI, E.; KHANDZIANI, T.; METREVELI, E.; KOBAKHIDZE, A.; ELISASHVILI, V. Screening of novel basidiomycetes for the production of lignocellulolytic enzymes during fermentation of food wastes. **Journal of Waste Conversion, Bioproducts and Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 9–15, 2012.

KAKKAD, H.; KHOT, M.; ZINJARDE, S.; RAVIKUMAR, A. Biodiesel production by direct in situ transesterification of an oleaginous tropical mangrove fungus grown on untreated agro-residues and evaluation of its fuel properties. **Bioenergy Research**, 2015. <http://doi.org/10.1007/s12155-015-9626-x>

KAMALA, T.; DEVI, S. I.; SHARMA, K. C.; KENNEDY, K. Phylogeny and taxonomical investigation of *Trichoderma* spp. from Indian region of Indo-Burma biodiversity hot spot region with special reference to Manipur. **BioMed Research International**, 2015.

KARP, S. G.; FARACO, V.; AMORE, A.; LETTI, L. A. J.; SOCCOL, V. T.; SOCCOL, C. R. Statistical optimization of laccase production and delignification of sugarcane bagasse by *Pleurotus ostreatus* in solid-state fermentation, **BioMed Research International**, 2015.

KELLNER, H.; LUIS, P.; PECYNA, M. J.; BARBI, F.; KAPTURSKA, D.; KRUGER, D.; ZAK, D. R.; MARMEISSE, R.; VANDENBOL, M.; HOFRICHTER, M. Widespread occurrence of expressed fungal secretory peroxidases in forest soils. **PLoS ONE**, v. 9, n. 4, 2014. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0095557>

KEPLER, R. M.; LUANGSA-ARD, J. J.; HYWEL-JONES, N. L.; QUANDT, C. A.; SUNG, G.; REHNER, S. A.; ROSSMAN, A. Y. A phylogenetically-based nomenclature for Cordycipitaceae (Hypocreales). **IMA Fungus**, v. 8, n. 2, p. 335–353, 2017. <http://doi.org/10.5598/imafungus.2017.08.02.08>

KNEZÉVIC, A.; MILOVANOVIC, I.; STAJIC, M.; LONCAR, N.; BRČESKI, I.; VUKOJEVIC, J.; CILERDZIC, J. Lignin degradation by selected fungal species. **Bioresource Technology**, v. 138, p. 117–123, 2013.

KRUYS, A.; WEDIN, M. Phylogenetic relationships and an assessment of traditionally used taxonomic characters in the Sporormiaceae (Pleosporales, Dothideomycetes, Ascomycota), utilising multi-gene phylogenies. **Systematics and Biodiversity**, v. 7, n. 4, p. 465–478, 2009.

KUHNERT, E.; SIR, E. B.; LAMBERT, C.; HYDE, K. D.; HLADKI, A. I.; ROMERO, A. I.; ROMERO, ANDREA I. R.; MANFRED, R.; STADLER, M. Phylogenetic and chemotaxonomic resolution of the genus *Annulohyphoxylon* (Xylariaceae) including four new species. **Fungal Diversity**, 2016.

KUMARESAN, V.; SURYANARAYANAN, T. S. Endophyte assemblages in young, mature and senescent leaves of *Rhizophora apiculata*: evidence for the role of endophytes in mangrove litter degradation. **Fungal Diversity**, p. 81–91, 2002.

KUMAR, V. V.; KIRUPHA, S. D.; PERIYARAMAN, P.; SIVANESAN, S. Screening and induction of laccase activity in fungal species and its application in dye decolorization. **African Journal of Microbiology Research**, v. 5, n. 11, p. 1261–1267, 2011. <http://doi.org/10.5897/AJMR10.894>

KUO, H.; HUANG, I.; CHEN, T. *Cordyceps* s. l. (Ascomycetes) species used as medicinal mushrooms are closely related with higher ability to produce cordycepin. **International Journal of Medicinal Mushrooms**, v. 17, n. 11, p. 1077–1085, 2015. <http://doi.org/10.1615/IntJMedMushrooms.v17.i11.80>

KURTZMAN, C. P.; SUZUKI, M. Phylogenetic analysis of ascomycete yeasts that form coenzyme Q-9 and the proposal of the new genera *Babjeviella*, *Meyerozyma*, *Millerozyma*, *Priceomyces* and *Scheffersomyces*. **Mycoscience**, v. 51, p. 2–14, 2010. <http://doi.org/10.1007/s10267-009-0011-5>.

LAZIM, M. Z.; HADIBARATA, T. Ligninolytic fungus *Polyporus* sp. S133

mediated metabolic degradation of fluorene. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 47, p. 610–616, 2016.

LEE, H., JANG, Y., CHOI, Y. S., KIM, M. J., LEE, J., LEE, H.; HONG, J-H.; LEE, Y. M.; KIM, G. H.; KIM, J. J. Biotechnological procedures to select white rot fungi for the degradation of PAHs. **Journal of Microbiological Methods**, v. 97, p. 56–62, 2014. <http://doi.org/10.1016/j.mimet.2013.12.007>

LI, Y.; XIAO, J.; HOOG, G. S. DE.; WANG, X.; WAN, Z.; YU, J.; LIU, W.; LI, R. Biodiversity and human-pathogenicity of *Phialophora verrucosa* and relatives in Chaetothyriales. **Persoonia**, v. 38, p. 1–19, 2017.

LIU, A. R.; CHEN, S. C.; JIN, W. J.; ZHAO, P. Y.; JEEWON, R.; TONG XU, T. Host specificity of endophytic *Pestalotiopsis* populations in mangrove plant species of South China. **African Journal of Microbiology Research**, v. 6, n. 33 p. 6262–6269, 2012. <http://doi.org/10.5897/AJMR12.766>

LIU, F.; BONTHOND, G.; GROENEWALD, J. Z.; CAI, L.; CROUS, P. W. Sporocadaceae, a family of coelomycetous fungi with appendage-bearing conidia. **Studies in Mycology**, v. 92, p. 287–415, 2019.

LIU, J. K.; HYDE, K. D.; JONES, E. B. G.; ARIYAWANSA, H. A.; BHAT, D. J.; BOONMEE, S.;... JAYAWARDENA, R. S. Fungal diversity notes 1-110: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal species. **Fungal Diversity**, 2015. <http://doi.org/10.1007/s13225-015-0324-y>

LIU, Y. L.; XI, P. G.; HE, X. L.; JIANG, Z. D. *Phialophora avicenniae* sp. nov., a new endophytic fungus in *Avicennia marina* in China. **Mycotaxon**, v. 124, p. 31–37, 2013.

LOMBARD, L.; HOUBRAKEN, J.; DECOCK, C.; SAMSON, R. A.; MEIJER, M.; RÉBLOVÁ, M.; GROENEWALD, J Z; CROUS, P W. Generic hyper-diversity in Stachybotriaceae. **Persoonia**, v. 36, p. 156-246, 2016.

LUANGSA-ARD, J. J.; MONGKOLSAMRIT, S.; THANAKITPIPATTANA, D.; KHONSANIT, ARTIT KANOKSRI, T.; WASANA, N.; HUMBER, R. A. Clavicipitaceous entomopathogens: new species in *Metarhizium* and a new genus *Nigelia*. **Mycol Progress**, 2017.

LUPLERTLOP, N. *Pseudallescheria Scedosporium* complex species: From saprobic to pathogenic fungus. **Journal de Mycologie Medicale**, 2018.

MADRID, H.; DA CUNHA, K. C.; GENÉ, J.; DIJKSTERHUIS, J.; CANO, J.; SUTTON, D. A.; GUARRO, J.; CROUS, P. W. Novel *Curvularia* species from clinical specimens. **Persoonia**, v. 33, p. 48–60, 2014.

MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; HYDE, K. D.; JONES, E. B. G.; MCKENZIE, E. H. C.; BHAT, J. D.; DAYARATHNE, M. C.; HUANG, S. ... WIJAYAWARDENE, N. N. Families of Sordariomycetes. **Fungal Diversity**, 2016. <http://doi.org/10.1007/s13225-016-0369-6>

MANAMGODA, D. S.; ROSSMAN, A. Y.; CASTLEBURY, L. A.; CHUKEATIROTE, E.; HYDE, K. D. A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the genus *Curvularia* (Pleosporaceae): human and plant pathogens. **Phytotaxa**, v. 212, n. 3, p. 175-198, 2015.

MANAVALAN, T.; MANAVALAN, A.; HEESE, K. Characterization of lignocellulolytic enzymes from white-rot fungi. **Current Microbiology**, 2014.

MARIN-FELIX Y.; SENWANNA, C.; CHEEWANGKON, R.; CROUS, P. W. New species and records of *Bipolaris* and *Curvularia* from Thailand. **Mycosphere**, v. 8, n. 9, p. 1556–1574, 2017.

MARTIN, R.; GAZIS, R.; SKALTSAS, D.; CHAVERRI, P.; HIBBETT, D. Unexpected diversity of basidiomycetous endophytes in sapwood and leaves of *Hevea*. **Mycologia**, 2015. <http://doi.org/10.3852/14-206>

MARTINS, M. A. M.; QUEIROZ, M. J.; SILVESTRE, A. J. D.; LIMA, N. Relationship of chemical structures of textile dyes on the pre-adaptation medium and the potentialities of their biodegradation by *Phanerochaete chrysosporium*. **Research in Microbiology**, v. 153, p. 361–368, 2002.

MASALU, R. J. Ligninolytic enzymes of the fungus isolated from soil contaminated with cow dung. **Tanzania Journal of Science**, v. 42, p. 85-93, 2016.

MATONDKAR, S. G. P.; MAHTANI, S.; MAVINKURVE, S. Studies on mangrove swamps of Goa: I - Heterotrophic bacterial flora from mangrove swamps. **Bulletin of the National Institute of Oceanography**. v. 14, p. 325-327, 1981.

MEMON, F. N.; MEMON, S. Calixarenes: A versatile source for the recovery of Reactive Blue-19 dye from industrial wastewater. **Pak. J. Anal. Environ. Chem.** v. 13, n. 2, p. 148–158, 2012.

MOREIRA, G. M.; ABREU, L. M.; CARVALHO, V. G.; SCHROERS, H.; PFENNING, L. H. Multilocus phylogeny of *Clonostachys* subgenus *Bionectria* from Brazil and description of *Clonostachys chloroleuca* sp. nov. **Mycological Progress**, 2016. <http://doi.org/10.1007/s11557-016-1224-6>

MORI, T.; WATANABE, M.; TAURA, H.; KUNO, T.; KAMEI, I.; KONDO, R. Degradation of chlorinated dioxins and polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) and remediation of PAH-contaminated soil by the entomopathogenic fungus, *Cordyceps militaris*. **Biochemical Pharmacology**, 2015.

MTIBAÀ, R.; OLICÓN-HERNÁNDEZ, D. R.; POZO, C.; NASRI, M.; MECHICHI, T.; GONZÁLEZ, J.; ARANDA, E. Ecotoxicology and environmental safety degradation of bisphenol A and acute toxicity reduction by different thermo-tolerant ascomycete strains isolated from arid soils. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 156, p. 87–96, 2018.

MWEKE, A.; ULRICHS, C.; NANA, P.; AKUTSE, K. S.; FIABOE, K. K. M.; MANIANIA, N. K.; EKESI, S. Evaluation of the entomopathogenic fungi *Metarhizium anisopliae*, *Beuveria bassiana* and *Isaria* sp. for the management of *Aphis craccivora* (Hemiptera: Aphididae). **Journal of Economic Entomology**, p. 1-8, 2018. <http://doi.org/10.1093/jee/toy135>

NASR, S.; BIEN, S.; SOUDI, M. R.; ALIMADADI, N.; FAZELI, S. A. S.; DAMM, U. Novel *Collophorina* and *Coniochaeta* species from *Euphorbia polycaulis*, an endemic plant in Iran. **Mycological Progress**, 2018.

NEOH, C. H.; LAM, C. Y.; YAHYA, A.; WARE, S.; IBRAHIM, Z. Utilization of agro-industrial residues from palm oil industry for production of lignocellulolytic enzymes by *Curvularia clavata*. **Waste and Biomass**, v. 6, p. 385–390, 2015.

NOGUEIRA-MELO, G. S.; SANTOS, P. J. P.; GIBERTONI, T. B. Host-exclusivity and host-recurrence by wood decay fungi (Basidiomycota - Agaricomycetes) in Brazilian mangroves. **Acta Botanica Brasilica**, v. 31, n. 4, p. 566–570, 2017. <http://doi.org/10.1590/0102-33062017abb0130>.

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.

OSMA, J. F.; TOCA-HERRERA, J. L.; RODRÍGUEZ-COUTO, S. Transformation pathway of Remazol Brilliant Blue R by immobilised laccase. **Bioresource Technology**, v. 101, p. 8509–8514, 2010.

PARAMJEET, S.; MANASA, P.; KORRAPATI, N. Biofuels: Production of fungal-mediated ligninolytic enzymes and the modes of bioprocesses utilizing agro-based residues. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**, 2018.

PARK, M. S.; CHO, H. J.; KIM, N. K.; PARK, J. Y.; LEE, H.; PARK, K. H.; KIM, M. J.; KIM, J. J.; KIM, C.; LIM, Y. W. Mycobiology ten new recorded species of macrofungi on Ulleung Island, Korea. **Mycobiology**, v. 45, n. 4, p. 286–296, 2017.

PASZCZYNSKI, A.; CRAWFORD, R. L.; HUYNH, A. Manganese peroxidase of *Phanerochaete chrysosporium*: purification. **Methods in Enzymology**, v. 161, p. 264–270, 1988.

PERDOMO, H.; GARCÍA, D.; GENÉ, J.; CANO, J.; SUTTON, D. A.; SUMMERBELL, R.; GUARRO, J. *Phialemoniopsis*, a new genus of Sordariomycetes, and new species of *Phialemonium* and *Lecytophora*. **Mycologia**, v. 105, n. 2, 2012. <http://doi.org/10.3852/12-137>

PERDOMO, H., SUTTON, D. A., GARCÍA, D., FOTHERGILL, A. W., CANO, J., GENE, J., & SUMMERBELL, R. C.; RINALDI, M. G.; GUARRO, J. Spectrum of clinically relevant *Acremonium* species in the United States. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 49, n. 1, p. 243–256, 2011.

PERDOMO, H.; CANO, J.; GENÉ, J.; GARCÍA, D.; HERNÁNDEZ, M.; GUARRO, J. Polyphasic analysis of *Purpureocillium lilacinum* isolates from different origins and proposal of the new species *Purpureocillium lavendulum*. **Mycologia**, 2012. <http://doi.org/10.3852/11-190>

POINTING, S. B. Qualitative methods for the determination of lignocellulolytic enzyme production by tropical fungi. **Fungal Diversity**, v. 2, p. 17–33, 1999.

POYNTNER, C.; PREM, M.; MANN, O.; BLASI, B.; STERFLINGER, K. Selective screening: isolation of fungal strains from contaminated soils in Austria. **Journal of Land Management, Food and Environment**, v. 68, n. 3, p. 157–169, 2017. <http://doi.org/10.1515/boku-2017-0014>

QUANDT, C. A., KEPLER, R. M., GAMS, W., ARAÚJO, J. P. M., BAN, S., EVANS, H. C.; ... SPATAFORA, J. W. Phylogenetic-based nomenclatural proposals for Ophiocordycipitaceae (Hypocreales) with new combinations in *Tolypocladium*. **IMA Fungus**, v. 5, n. 1, p. 121–134, 2014.

RAVINDRAN, A.; SUNIL, S. A.; SZE, S. K. Characterization of extracellular lignocellulolytic enzymes of *Coniochaeta* sp. during corn stover bioconversion. **Process Biochemistry**, v. 47, p. 2440–2448 2012.

RÉBLOVÁ, M.; GAMS, W.; SEIFERT, A. Monilochaetes and allied genera of the *Glomerellales*, and a reconsideration of families in the Microascales. **Studies in Mycology**, v. 68, p. 163–191, 2011. <http://doi.org/10.3114/sim.2011.68.07>

RÉBLOVÁ, M. Molecular systematics of *Ceratostomella* sensu lato and morphologically similar fungi. **Mycologia**, v. 98, n. 1, p. 68–93, 2006.

ROSALES-CASTILLO, J. A.; OYAMA, K.; VÁZQUEZ-GARCIDUENAS, M. S.; AGUILAR-ROMERO, R.; GARCÍA-OLICA, F.; VÁRQUEZ-MARUFO, G. Fungal community and ligninolytic enzyme activities in *Quercus deserticola* Trel. Litter from forest fragments with increasing levels of disturbance. **Forests**, v. 9, n. 11, p. 1–18, 2018. <http://doi.org/10.3390/f9010011>

ROSSMAN, A. Y.; FARR, D. F.; CASTLEBURY, L. A. (2007). A review of the phylogeny and biology of the Diaporthales. **Mycoscience**, v. 48, p. 135–144, 2007. <http://doi.org/10.1007/s10267-007-0347-7>

SANTOS, H. F.; CARMO, F. L.; PAES, J. E. S.; ROSADO, A. S.; PEIXOTO, R. S. Bioremediation of mangroves impacted by petroleum. **Water, Air, and Soil Pollution**, 2010. <http://doi.org/10.1007/s11270-010-0536-4>.

SEBASTIANES, F. L. DE S.; ROMÃO-DUMARESQU, A. S.; LACAVA, P. T.; HARAKAVA, R.; AZEVEDO, J. L.; MELO, I. S. DE.; PIZZIRANI-KLEINER, A. A. Species diversity of culturable endophytic fungi from Brazilian mangrove forests. **Curr Genet**, v. 59, p. 153–166, 2013.

SENANAYAKE, I. C.; AL-SADI, A. M.; BHAT, J. D.; CAMPORESI, E.; DISSANAYAKE, A. J.; LUMYONG, S.; MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.;

HYDE, K. D. Phomatosporales ord. nov. and Phomatosporaceae fam. nov., to accommodate *Lanspora*, *Phomatospora* and *Tenuimurus*, gen. nov. **Mycosphere**, v. 7, n. 5, p. 628–641, 2016.

SENANAYAKE, I. C.; CROUS, P. W.; GROENEWALD, J. Z.; MAHARACHCHIKUMBURA, S.S.N.; JEEWON, R.; BHAT, J. D.; PERERA, R. H.; ...HYDE, K. D. Families of Diaporthales based on morphological and phylogenetic evidence. **Studies in Mycology**, v. 86, p. 217–296, 2017.

SHANG, Q.; HYDE, K. D.; JEEWON, R.; KHAN, S.; PROMPUTTHA, I.; PHOOKAMSAK, R. Morpho-molecular characterization of *Peroneutypa* (Diatrypaceae, Xylariales) with two novel species from Thailand. **Phytotaxa**, v. 356, n. 1, p. 1–18, 2018.

SHANG, Q. J.; HYDE, K. D.; PHOOKAMSAK, R.; DOILOM, M.; BHAT, D. J.; MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; PROMPUTTHA, I. *Diatrypella tectonae* and *Peroneutypa mackenziei* spp. nov. (Diatrypaceae) from northern Thailand. **Mycological Progress**, 2017. <http://doi.org/10.1007/s11557-017-1294-0>

SHRESTHA, P.; IBÁÑEZ, A. B.; BAUER, S.; GLASSMAN, S. I.; SZARO, T. M.; BRUNS, T. D.; TAYLOR, J. W. Fungi isolated from *Miscanthus* and sugarcane: biomass conversion, fungal enzymes, and hydrolysis of plant cell wall polymers. **Biotechnology for Biofuels**, v. 8, n. 38, p. 1–14, 2015.

SILVA, M.; UMBUZEIRO, G. A.; PFENNING, L. H.; CANHOS, V. P.; ESPOSITO, E. Filamentous fungi isolated from estuarine sediments contaminated with industrial discharges. **Soil and Sediment Contamination**, v. 12, n. 3, p. 345–356, 2003. <http://doi.org/10.1080/713610976>.

SIMÕES, M. F.; ANTUNES, A.; OTTONI, C. A.; AMINI, M. S.; ALAM, I.; ALZUBAIDY, H.; ...BAJIC, V. B. Soil and rhizosphere associated fungi in gray mangroves (*Avicennia marina*) from the Red Sea - A metagenomic approach. **Genomics, Proteomics and Bioinformatics**, v. 13, p. 310–320, 2015.

SONGULASHVILI, G.; SPINDLER, D.; JIMENE, G. A.; JASPERS, C.; KERNS, G.; PENNINGCKX, M. J. Production of a high level of laccase by submerged fermentation at 120-L scale of *Cerrena unicolor* C-139 grown on wheat bran. **Comptes Rendus Biologies**, v. 338, p. 121–125, 2015.

SUE, P. K.; GURDA, G. T.; LEE, R.; WATKINS, T.; GREEN, R.; MEMON, W.; ...ZHANG, S. X. First report of *Westerdykella dispersa* as a cause of an angioinvasive fungal infection in a neutropenic host. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 52, n. 12, p. 4407–4411, 2014.

STÜRMER, A. T.; ITO, E. T.; PEREIRA, G. V.; MIYAGUI, D. T. Estabilidade de proteases produzidas pelo fungo entomopatogênico *Beauveria bassiana*. **UNOPAR Cient., Ciênc. Biol. Saúde**, v. 5/6, n. 1, p. 85–88, 2004

SU, L.; DENG, H.; NIU, Y. *Phialemoniopsis endophytica* sp. nov., a new species of endophytic fungi from *Luffa cylindrica* in Henan, China. **Mycological**

Progress, v. 15, n. 48, 2017. <http://doi.org/10.1007/s11557-016-1189-5>

SU, L.; NIU, Y. Multi-locus phylogenetic analysis of *Talaromyces* species isolated from cucurbit plants in China and description of two new species, *T. cucurbitiradicus* and *T. endophyticus*. **Mycologia**, 2018.

SUMMERBELL, R. C.; GUEIDAN, C.; SCHROERS, H.; HOOG, G. S. DE.; STARINK, M.; ROSETE, Y. A.; ...SCOTT, J. A. (2011). *Acremonium* phylogenetic overview and revision of *Gliomastix*, *Sarocladium*, and *Trichothecium*. **Studies in Mycology**, v. 68, p. 139–162, 2011.

SUN, J.; PEI, Y.; LI, E.; LI, W.; HYDE, K. D.; YIN, W.; LIU, X. A new species of *Trichoderma hypoxylon* harbours abundant secondary metabolites. **Scientific Reports**, v. 6, 2016. <http://doi.org/10.1038/srep37369>.

TAHA, M.; ADETUTU, E. M.; SHAHSAVARI, E.; SMITH, A. T.; BALL, A. S. Azo and anthraquinone dye mixture decolourization at elevated temperature and concentration by a newly isolated thermophilic fungus, *Thermomucor indicae-seudaticae*. **Journal of Environmental Chemical Engineering**, 2014.

THATOI, H.; BEHERA, B. C.; MISHRA, R. R.; DUTTA, S. K. Biodiversity and biotechnological potential of microorganisms from mangrove ecosystems: a review. **Annals of Microbiology**, v. 63, p. 1-19, 2013.

THOMPSON, C. E.; BEYS-DA-SILVA, W. O.; SANTI, L.; BERGER, M.; VAINSTEIN, M. H.; GUIMARÃES, J. A.; VASCONCELOS, T. R. A potential source for cellulolytic enzyme discovery and environmental aspects revealed through metagenomics of Brazilian mangroves. **AMB Express**, v. 3, n. 65, p. 1–18, 2013.

TIEN, M.; KIRK, T. K. (1988). **Lignin Peroxidase of *Phanerochaete chrysosporium***. In: *Methods in enzymology-biomass, part b, lignin, pectin, and chitin*. San Diego, CA, Academic Press, v. 161, p. 238–249.

TSANG, C. CHAN, J. F. W.; PONG, W.; CHEN, J. H. K.; NGAN, A. H. Y.; CHEUNG, M.; ...WOO, P. C. Y. Cutaneous hyalohyphomycosis due to *Parengyodontium album* gen. et comb. nov. **Medical Mycology**, p. 1-15, 2016.

TUPAKI-SREEPURNA, A.; THANNERU, V.; NATARAJAN, S.; SHARMA, S.; GOPI, A.; SUNDARAM, M.; KINDO, A. J. Phylogenetic diversity and in vitro susceptibility profiles of human pathogenic members of the *Fusarium fujikuroi* species complex isolated from South India. **Mycopathologia**, v. 183, p. 529-540, 2018. <http://doi.org/10.1007/s11046-018-0248-7>.

VALENZUELA-LOPEZ, N.; CANO-LIRA, J.F.; GUARRO, J.; SUTTON, D.A.; WIEDERHOLD, N.; CROUS, P.W.; STCHIGE, A.M. Coelomycetous Dothideomycetes with emphasis on the families Cucurbitariaceae and Didymellaceae. **Studies in Mycology**, v. 90, p. 1-69, 2018.

VAITHANOMSAT, P.; APIWATANAPIWAT, W.; PETCHOY, O.; CHEDCHANT,

J. Production of ligninolytic enzymes by white-rot fungus *Datronia* sp. KAPI0039 and their application for reactive dye removal. **International Journal of Chemical Engineering**, 2010. <http://doi.org/10.1155/2010/162504>.

VARGA, J.; DUE, M.; FRISVAD, J. C.; SAMSON, R. A. Taxonomic revision of *Aspergillus* section *Clavati* based on molecular, morphological and physiological data. **Studies in Mycology**, v. 59, p. 89-106, 2007.

VAZQUEZ, P.; HOLGUIN, G.; PUENTE, M. E.; LOPEZ-CORTES, A.; BASHAN, Y. Phosphate-solubilizing microorganisms associated with the rhizosphere of mangroves in a semiarid coastal lagoon. **Biology and Fertility of Soils**, v. 30, p. 460-468, 2000.

VERKLEY, G. J. M.; DUKIK, K.; RENFURM, R.; GÖKER, M.; STIELOW, J. B. Novel genera and species of *Coniothyrium*-like fungi in Montagnulaceae (Ascomycota). **Persoonia**, v. 32, p. 25–51, 2014.

VERKLEY, J. G.; SILVA, M. da; WICKLOW, T. D.; CROUS, W. P. *Paraconiothyrium*, a new genus to accommodate the mycoparasite *Coniothyrium minitans*, anamorphs of *Paraphaeosphaeria*, and four new species. **Studies in Mycology**, v. 50, p. 323–335, 2004.

VERMA, A. K.; RAGHUKUMAR, C.; VERMA, P.; SHOUCHE, Y. S.; NAIK, C. G. Four marine-derived fungi for bioremediation of raw textile mill effluents. **Biodegradation**, v. 21, p. 217–233, 2010.

VICENTE, V. A.; ORÉLIS-RIBEIRO, R.; NAJAFZADEH, M. J.; SUN, J.; GUERRA, R. S.; ...BOEGER, W. A. Black yeast-like fungi associated with Lethargic Crab Disease (LCD) in the mangrove-land crab, *Ucides cordatus* (Ocypodidae). **Veterinary Microbiology**, v. 158, 109–122, 2012.

WANG, M.; TAN, X. M.; LIU, F.; CAI, L. Eight new *Arthrimum* species from China. **MycologyKeys**, v. 24, p. 1–24, 2018.

WANG, X. W.; LOMBARD, L.; GROENEWALD, J. Z.; LI, J.; VIDEIRA, S. I. R.; SAMSON, R. A.; ...CROUS, P. W. Phylogenetic reassessment of the *Chaetomium globosum* species complex. **Persoonia**, v. 36, p. 83–133, 2016.

WENDT, L.; SIR, E. B.; KUHNERT, E.; HEITKÄMPER, S.; LAMBERT, C.; HLADKI, A. I.; ...STADLER, M. Resurrection and emendation of the Hypoxylaceae, recognised from a multigene phylogeny of the Xylariales. **Mycology Progress**, v. 17, p. 115–154, 2018. <http://doi.org/10.1007/s11557-017-1311-3>

WINQUIST, E.; BJÖRKLÖF, K.; SCHULTZ, E.; RÄSÄNEN, M.; SALONEN, K.; ANASONYE, F.; ...TUOMELA, M. Bioremediation of PAH-contaminated soil with fungi - From laboratory to field scale. **International Biodeterioration and Biodegradation**, v. 86, p. 238–247, 2014.

WONG, D. W. S. Structure and action mechanism of ligninolytic enzymes. **Applied Biochemistry and Biotechnology**, v. 157, p. 174-209, 2008.

WOUDENBERG, J. H. C.; MEIJER, M.; HOUBRAKEN, J.; SAMSON, R. A. *Scopulariopsis* and scopulariopsis-like species from indoor environments. **Studies in Mycology**, v. 88, p. 1–35, 2017.

YANG, B.; RAO, R. Emerging pathogens of the *Candida* species. In Web of Science™ Core Collection (BKCI), p. 0–16, 2018.

YILMAZ, N.; HOUBRAKEN, J.; HOEKSTRA, E. S.; FRISVAD, J. C.; VISAGIE, C. M.; SAMSON, R. A. Delimitation and characterisation of *Talaromyces purpurogenus* and related species. **Persoonia**, v. 29, p. 39–54, 2012.

YURKOV, A. M.; DLAUCHY, D.; PÉTER, G. *Meyerozyma amylolytica* sp. nov. from temperate deciduous trees and the transfer of five *Candida* species to the genus *Meyerozyma*. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 67, p. 3977–3981, 2017.

ZABKA, M.; PAVELA, R. (2018). **Review Chapter: Fusarium genus and essential oils**. In: Natural Antimicrobial Agents, p. 95–120, Springer.

ZALAR, P.; HOOG, G. S. de.; SCHROERS, H.; CROUS, P. W.; GROENEWALD, J. Z.; GUNDE-CIMERMAN, N. Phylogeny and ecology of the ubiquitous saprobe *Cladosporium sphaerospermum*, with descriptions of seven new species from hypersaline environments. **Studies in Mycology**, v. 58, p. 157–183, 2007. <http://doi.org/10.3114/sim.2007.58.06>

ZAMARCHI, K. (2016). Biodiversidade fúngica e sua relação com a antropização de manguezais na Baía de Paranaguá, Paraná, Brasil. **Trabalho de Conclusão de Curso** - Universidade Estadual do Paraná - Campus Paranaguá, Departamento de Ciências Biológicas, p. 30.

ZHANG, N.; YORK, N.; CASTLEBURY, L. A.; MILLER, A. N.; HUHNDORF, S. M.; SCHOCH, C. L.; KOHLMAYER, J.; VOLKMANN-KOHLMEYER, B.; SUNG, G.-H. An overview of the systematics of the Sordariomycetes based on a four-gene phylogeny. **Mycologia**, v. 98, n. 6, p. 1076–1087, 2006.

ZHANG, Z.; LIU, J.; LAN, J.; DUAN, C.; MA, Q.; FENG, J. Predominance of *Trichoderma* and *Penicillium* in cellulolytic aerobic filamentous fungi from subtropical and tropical forests in China. **Biotechnology for Biofuels**, v. 7, n. 107, 2016. <http://doi.org/10.1186/1754-6834-7-107>.

ZHAO, M.; ZHANG, C.; ZENG, G.; HUANG, D.; CHENG, M. Toxicity and bioaccumulation of heavy metals in *Phanerochaete chrysosporium*. **Transactions of Nonferrous Metals Society of China**, v. 26, p. 1410–1418, 2016. [http://doi.org/10.1016/S1003-6326\(16\)64245-0](http://doi.org/10.1016/S1003-6326(16)64245-0).

ZHU, H.; TIAN, C.; FAN, X. Multigene phylogeny and morphology reveal *Cytospora spiraeae* sp. nov. (Diaporthales, Ascomycota) in China. **Phytotaxa**, v. 338, n. 1, p. 49–62, 2018.

APÊNDICE 1 – LINHAGENS DE REFERÊNCIA ANÁLISADAS

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 119416*	<i>Cladosporium halotolerans</i>	DQ780364; -; JN906989; -; -;
CPC 22372	<i>Cladosporium halotolerans</i>	MF472996; -; MF473423; -; -;
DTO 324-A7	<i>Cladosporium parahalotolerans</i>	MF473168; -; MF473591; -; -;
CBS 139585*	<i>Cladosporium parahalotolerans</i>	KP701955; -; KP701832; -; -;
CBS 102047	<i>Cladosporium salinae</i>	MF473251; -; MF473674; -; -;
CBS 119413*	<i>Cladosporium salinae</i>	DQ780374; -; JN906993; -; -;
EXF-466	<i>Cladosporium velox</i>	DQ780359; -; KJ596597; -; -;
CBS 119417*	<i>Cladosporium velox</i>	DQ780361; -; JN906995; -; -;
CBS 116456 [#]	<i>Cercospora beticola</i>	AY840527; -; AY840494; -; -;
IMI 090323	<i>Westerdykella angulata</i>	GQ203758; -; -; -; -;
CBS 610.74	<i>Westerdykella angulata</i>	GQ203757; -; -; -; -;
IMI 086825	<i>Westerdykella aurantiaca</i>	AY943057; -; -; -; -;
FNBR-03	<i>Westerdykella aurantiaca</i>	JN118571; -; -; -; -;
CBS 454.72*	<i>Westerdykella cylindrica</i>	AY943056; -; -; -; -;
CBS 297.56*	<i>Westerdykella dispersa</i>	GQ203797; -; -; -; -;
CBS 156.67	<i>Westerdykella dispersa</i>	DQ468016; -; -; -; -;
IFO 32588	<i>Westerdykella globosa</i>	AY943046; -; -; -; -;
CBS 391.51	<i>Westerdykella multispora</i>	AY943048; -; -; -; -;
CBS 383.69	<i>Westerdykella multispora</i>	GQ203799; -; -; -; -;
CBS 416.72	<i>Westerdykella nigra</i>	GQ203800; -; -; -; -;
ATCC 12756	<i>Westerdykella nigra</i>	AY943049; -; -; -; -;
CBS 379.55	<i>Westerdykella ornata</i>	GQ203801; -; -; -; -;
CBS 297.75*	<i>Westerdykella purpurea</i>	AY943050; -; -; -; -;
HN6-5B	<i>Westerdykella purpurea</i>	FJ624258; -; -; -; -;
CBS 604.97	<i>Westerdykella rapa-nuiensis</i>	JX235699; -; -; -; -;
DAOM 242243	<i>Westerdykella reniformis</i>	JX235700; -; -; -; -;
CBS 363.69 [#]	<i>Preussia lignicola</i>	GQ203783; -; -; -; -;
GKM1029	<i>Anteaglonium abbreviatum</i>	GQ221878; -; -; GQ221878; -;
ANM 925.1	<i>Anteaglonium abbreviatum</i>	GQ221877; -; -; GQ221877; -;
HUEFS 192250*	<i>Anteaglonium brasiliense</i>	KF906410; -; -; KF906410; -;
SMH5283	<i>Anteaglonium globosum</i>	GQ221911; -; -; GQ221911; -;
ANM 925.2*	<i>Anteaglonium globosum</i>	GQ221879; -; -; GQ221879; -;
GKM1119*	<i>Anteaglonium latirostrum</i>	GQ221874; -; -; GQ221874; -;
GKML100Nb	<i>Anteaglonium latirostrum</i>	GQ221876; -; -; GQ221876; -;
MFLU 16-0473	<i>Anteaglonium parvulum</i>	KU922911; -; -; KU922911; -;
MFLU 16-0470	<i>Anteaglonium parvulum</i>	KU922917; -; -; KU922917; -;
WU 36963	<i>Anteaglonium rubescens</i>	MG912911; -; -; MG912911; -;
WU 36960*	<i>Anteaglonium rubescens</i>	MG912910; -; -; MG912910; -;
MFLU 16-0471*	<i>Anteaglonium thailandicum</i>	KU922909; -; -; KU922909; -;
MFLU 11-0143*	<i>Flammeascooma bambusae</i>	KP744485; -; -; KP744485; -;
MFLU 10-0061*	<i>Flammeascooma lignicola</i>	KT324583; -; -; KT324583; -;
CBS 123092 [#] *	<i>Amniculicola parva</i>	GU301797; -; -; GU301797; -;
CBS 120105*	<i>Epicoccum brasiliense</i>	-; -; GU237760; -; -;
CGMCC:3.18343*	<i>Epicoccum camelliae</i>	-; -; KY742091; -; -;
UTHSC:DI16-338	<i>Epicoccum camelliae</i>	-; -; LT592959; -; -;
CBS 181.80*	<i>Epicoccum catenisporum</i>	-; -; FJ427069; -; -;

Nº do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CGMCC:3.18359*	<i>Epicoccum dendrobii</i>	-; -; KY742093; -; -;
CBS 186.83	<i>Epicoccum draconis</i>	-; -; GU237795; -; -;
LC:8147	<i>Epicoccum duchesneae</i>	-; -; KY742096; -; -;
CGMCC:3.18345*	<i>Epicoccum duchesneae</i>	-; -; KY742095; -; -;
CBS 104.80	<i>Epicoccum henningsii</i>	-; -; GU237731; -; -;
CGMCC:3.18360	<i>Epicoccum hordei</i>	-; -; KY742097; -; -;
CBS 105.80	<i>Epicoccum huancayense</i>	-; -; GU237732; -; -;
CGMCC:3.18361*	<i>Epicoccum italicum</i>	-; -; KY742099; -; -;
LC:8151	<i>Epicoccum italicum</i>	-; -; KY742100; -; -;
UTHSC:DI16-258	<i>Epicoccum keratinophilum</i>	-; -; LT592928; -; -;
UTHSC:DI16-271*	<i>Epicoccum keratinophilum</i>	-; -; LT592930; -; -;
CGMCC:3.18346*	<i>Epicoccum laticollum</i>	-; -; KY742101; -; -;
CGMCC:3.18362*	<i>Epicoccum layuense</i>	-; -; KY742107; -; -;
CBS 173.73*	<i>Epicoccum nigrum</i>	-; -; FJ426996; -; -;
CBS 180.80*	<i>Epicoccum ovisporum</i>	-; -; FJ427068; -; -;
PD 77/1028	<i>Epicoccum pimprinum</i>	-; -; FJ427050; -; -;
CBS 558.81*	<i>Epicoccum plurivorum</i>	-; -; GU237888; -; -;
UTHSC:DI16-257*	<i>Epicoccum pneumoniae</i>	-; -; LT592927; -; -;
CGMCC:3.18363*	<i>Epicoccum poae</i>	-; -; KY742113; -; -;
LC:8161	<i>Epicoccum poae</i>	-; -; KY742114; -; -;
CBS 114179*	<i>Epicoccum proteae</i>	-; -; JQ044433; -; -;
CBS 179.80	<i>Epicoccum sorghinum</i>	-; -; FJ427067; -; -;
UTHSC:DI16-301	<i>Epicoccum sorghinum</i>	-; -; LT592948; -; -;
CGMCC:3.18344*	<i>Epicoccum viticis</i>	-; -; KY742118; -; -;
BRIP:29294	<i>Epicoccum viticis</i>	-; -; KY742117; -; -;
CBS 615.75**	<i>Phoma herbarum</i>	-; -; FJ427022; -; -;
CBS 168.77*	<i>Austropleospora archidendri</i>	JX496049; -; -; JX496162; -; -;
CBS 587.84	<i>Didymosphaeria rubi-ulmifolii</i>	JX496099; -; -; JX496212; -; -;
CPC 24892	<i>Paracamarosporium fagi</i>	KR611887; -; -; KR611905; -; -;
CPC 24890	<i>Paracamarosporium fagi</i>	KR611886; -; -; KR611904; -; -;
CBS 120025*	<i>Paracamarosporium hawaiiense</i>	JX496027; -; -; JX496140; -; -;
CPC 21632*	<i>Paracamarosporium psoraleae</i>	KF777143; -; -; KF777199; -; -;
CBS 167.70*	<i>Paraphaeosphaeria angularis</i>	JX496047; -; -; JX496160; -; -;
MFLUCC 13-0349*	<i>Paraphaeosphaeria michotii</i>	KJ939279; -; -; KJ939282; -; -;
CBS 859.71	<i>Paraphaeosphaeria minitans</i>	JX496116; -; -; JX496229; -; -;
CBS 111750	<i>Paraphaeosphaeria minitans</i>	JX496017; -; -; JX496130; -; -;
MFLUCC:13-0541*	<i>Pseudocamarosporium corni</i>	KJ747048; -; -; KJ813279; -; -;
MFLUCC 14-0624*	<i>Pseudocamarosporium cotinae</i>	KP744460; -; -; KP744505; -; -;
MFLUCC 13-0532*	<i>Pseudocamarosporium loniceriae</i>	KJ747047; -; -; KJ813278; -; -;
MFLUCC:13-0544*	<i>Pseudocamarosporium propinquum</i>	KJ747049; -; -; KJ813280; -; -;
MFLUCC:16-1275*	<i>Tremateia arundicola</i>	KX274241; -; -; KX274248; -; -;
GZAAS01	<i>Tremateia guiyangensis</i>	KX274240; -; -; KX274247; -; -;
CBS 714.68**	<i>Pleospora tarda</i>	KC584238; -; -; KC584345; -; -;
CBS 972.95*	<i>Paraconiothyrium cyclothyrioides</i>	JX496119; -; -; JX496232; -; -;
CBS 109850*	<i>Paraconiothyrium estuarinum</i>	JX496016; -; -; JX496129; -; -;
CBS 113269*	<i>Paraconiothyrium fungicola</i>	JX496020; -; -; JX496133; -; -;
CBS 120025**	<i>Paracamarosporium hawaiiense</i>	JX496027; -; -; JX496140; -; -;
HKAS 83978*	<i>Nigrograna cangshanensis</i>	KY511063; -; -; -; -;

Nº do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
MFLUCC 15-0253	<i>Nigrograna cangshanensis</i>	NR 155486; -; -; -; -;
CBS 110022	<i>Nigrograna mackinnonii</i>	KF015653; -; -; -; -;
CBS 674.75*	<i>Nigrograna mackinnonii</i>	NR 132037; -; -; -; -;
CBS 141483	<i>Nigrograna mycophila</i>	KX650555; -; -; -; -;
CBS 141478*	<i>Nigrograna mycophila</i>	KX650553; -; -; -; -;
CBS 141485*	<i>Nigrograna norvegica</i>	KX650556; -; -; -; -;
CBS 141477*	<i>Nigrograna obliqua</i>	KX650560; -; -; -; -;
CBS 141475	<i>Nigrograna obliqua</i>	KX650558; -; -; -; -;
MFLUCC15-0087 [#]	<i>Angustimassarina lonicerae</i>	KY496759; -; -; -; -;
MFLUCC 10-0703*	<i>Curvularia alcornii</i>	JX256420; -; -; -; -;
MFLUCC 10-0711*	<i>Curvularia asianensis</i>	JX256424; -; -; -; -;
BRIP 12525*	<i>Curvularia australis</i>	AF081448; -; -; -; -;
BRIP 12522*	<i>Curvularia bothriochloae</i>	KJ415543; -; -; -; -;
BRIP 13524*	<i>Curvularia crustacea</i>	KJ415544; -; -; -; -;
CBS187.50	<i>Curvularia geniculata</i>	KJ909781; -; -; -; -;
UTHSC 09-464*	<i>Curvularia hominis</i>	HG779011; -; -; -; -;
CBS 730-96*	<i>Curvularia lunata</i>	JX256429; -; -; -; -;
CBS197.29*	<i>Curvularia miyakei</i>	KJ909770; -; -; -; -;
CBS 144.63*	<i>Curvularia muehlenbeckiae</i>	HG779002; -; -; -; -;
BRIP 15882*	<i>Curvularia ovariicola</i>	JN192384; -; -; -; -;
CBS 190.48*	<i>Curvularia pisi</i>	NR 152502; -; -; -; -;
UTHSC 08-3458	<i>Curvularia pseudorobusta</i>	HE861838; -; -; -; -;
BRIP 13165*	<i>Curvularia ravenelii</i>	JN192386; -; -; -; -;
CBS624.68*	<i>Curvularia robusta</i>	KJ909783; -; -; -; -;
CBS349.90*	<i>Curvularia ryleyi</i>	KJ909766; -; -; -; -;
CBS 222.96*	<i>Curvularia soli</i>	KY905679; -; -; -; -;
BRIP 12375*	<i>Curvularia tripogonis</i>	JN192388; -; -; -; -;
BRIP 14834*	<i>Curvularia tropicalis</i>	KJ415559; -; -; -; -;
CBS 137271 [#]	<i>Bipolaris maydis</i>	AF071325; -; -; -; -;
UTHSC:DI16-225	<i>Pyrenochaetopsis americana</i>	LT592912;LT592981; -; -; -; -;
CBS 142458*	<i>Pyrenochaetopsis botulisporea</i>	LT592946;LT593015; -; -; -; -;
CBS 142459*	<i>Pyrenochaetopsis confluens</i>	LT592950;LT593019; -; -; -; -;
CBS 343.85*	<i>Pyrenochaetopsis decipiens</i>	LT623223;LT623240; -; -; -; -;
CBS 143034*	<i>Pyrenochaetopsis globosa</i>	LT592934;LT593003; -; -; -; -;
CBS 124454*	<i>Pyrenochaetopsis indica</i>	LT623224;LT623241; -; -; -; -;
CBS 101635*	<i>Pyrenochaetopsis leptospora</i>	JF740262; -; -; -; -;
CBS 102876*	<i>Pyrenochaetopsis microspora</i>	LT623226;LT623244; -; -; -; -;
CBS142460*	<i>Pyrenochaetopsis paucisetosa</i>	LT592897;LT592966; -; -; -; -;
CBS 136769*	<i>Pyrenochaetopsis poae</i>	KJ869117;KJ869243; -; -; -; -;
CBS 119739*	<i>Pyrenochaetopsis setosissima</i>	LT623227;LT623245; -; -; -; -;
CBS 139506*	<i>Pyrenochaetopsis tabarestanensis</i>	KM882900;KX789523; -; -; -; -;
CBS 142461*	<i>Pyrenochaetopsis uberiformis</i>	LT592935;LT593004; -; -; -; -;
CBS 445.81*	<i>Xenopyrenochaetopsis pratorum</i>	JF740263;KT389846; -; -; -; -;
CBS 235.93*	<i>Cyphellophora ambigua</i>	JQ766431;JQ766340; -; -; -; -;
CHCJHBJBLM*	<i>Cyphellophora artocarpis</i>	KP010367;KP122925; -; -; -; -;
CBS 101466*	<i>Cyphellophora europaea</i>	JQ766443;JQ766365; -; -; -; -;
CBS 130291*	<i>Cyphellophora fusarioides</i>	JQ766439;JQ766363; -; -; -; -;
CBS 124764*	<i>Cyphellophora guyanensis</i>	JQ766432;JQ766337; -; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI):
		ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 125756	<i>Cyphellophora guyanensis</i>	JQ766433;JQ766338; -; -; -;
CBS 190.61*	<i>Cyphellophora laciniata</i>	JQ766423;JQ766329; -; -; -;
CMRP1317	<i>Cyphellophora ludoviensis</i>	KX434722;KX583749; -; -; -;
GLZJXJ-41	<i>Cyphellophora musae</i>	KP010370;KP122927; -; -; -;
GLMMZZ-4	<i>Cyphellophora musae</i>	KP010369;KP122928; -; -; -;
CBS 122.74*	<i>Cyphellophora olivacea</i>	KC455247;KC455230; -; -; -;
CBS 123.74	<i>Cyphellophora olivacea</i>	KC455248;KC455231; -; -; -;
CBS 698.73*	<i>Cyphellophora oxyspora</i>	JQ766450;JQ766375; -; -; -;
CBS 284.85*	<i>Cyphellophora pauciseptata</i>	JQ766466;JQ766358; -; -; -;
HLHNZWYZZ08*	<i>Cyphellophora phyllostachydis</i>	KP010371;KP122929; -; -; -;
CBS 286.85*	<i>Cyphellophora pluriseptata</i>	JQ766429;JQ766335; -; -; -;
CBS 109633	<i>Cyphellophora pluriseptata</i>	JQ766430;JQ766336; -; -; -;
CBS 113.85*	<i>Cyphellophora reptans</i>	JQ766445;JQ766370; -; -; -;
CBS 120903	<i>Cyphellophora reptans</i>	JQ766448;JQ766373; -; -; -;
CBS 243.85*	<i>Cyphellophora sessilis</i>	EU514700;KC455234; -; -; -;
CBS 449.91*	<i>Cyphellophora suttonii</i>	JQ766459;JQ766342; -; -; -;
CBS 228.86*	<i>Cyphellophora vermispora</i>	KC455244;KC455227; -; -; -;
CBS 834.96 [#]	<i>Cladophialophora immunda</i>	EU137318;EU137203; -; -; -;
UAMH 10875*	<i>Phialophora americana</i>	EU514696; -; -; -;
CBS 281.35	<i>Phialophora americana</i>	EU514694; -; -; -;
CBS 140307	<i>Phialophora americana</i>	KJ700965; -; -; -;
CBS 131958*	<i>Phialophora attae</i>	KF928463; -; -; -;
CBS 131971	<i>Phialophora attae</i>	KF928462; -; -; -;
CBS 130286*	<i>Phialophora avicenniae</i>	GQ500118; -; -; -;
CBS 130287	<i>Phialophora avicenniae</i>	HM055753; -; -; -;
CBS 132767*	<i>Phialophora capiguarae</i>	KF928464; -; -; -;
CBS 131954	<i>Phialophora capiguarae</i>	KF928465; -; -; -;
CBS 140326*	<i>Phialophora chinensis</i>	KF881964; -; -; -;
R70D1	<i>Phialophora chinensis</i>	KC445295; -; -; -;
CBS 286.47*	<i>Phialophora ellipsoidea</i>	AF050282; -; -; -;
BMU 02323*	<i>Phialophora expanda</i>	KF881937; -; -; -;
BMU 01245	<i>Phialophora expanda</i>	KF881934; -; -; -;
CBS 273.37*	<i>Phialophora macrospora</i>	AF050281; -; -; -;
CBS 111589*	<i>Phialophora tarda</i>	KU306362; -; -; -;
CBS 140323	<i>Phialophora verrucosa</i>	KF881935; -; -; -;
CBS 101466 ^{#*}	<i>Cyphellophora europaea</i>	KF928473; -; -; -;
NRRL 4838*	<i>Aspergillus amoenus</i>	EF652480; -; -; -; JN853824;
NRRL 233*	<i>Aspergillus austroafricanus</i>	JQ301891; -; -; -; JN853814;
CBS 474.65 ^{#*}	<i>Aspergillus clavatonanicus</i>	EF669986; -; -; -; EF669773;
CBS 513.65 ^{#*}	<i>Aspergillus clavatus</i>	EF669942; -; -; -; EF669730;
NRRL 58592*	<i>Aspergillus creber</i>	JQ301889; -; -; -; JN853832;
NRRL 227*	<i>Aspergillus cvjetkovicii</i>	EF652440; -; -; -; EF652176;
NRRL 239*	<i>Aspergillus fructus</i>	EF652449; -; -; -; EF652185;
CBS 138191*	<i>Aspergillus griseoaurantiacus</i>	KJ775553; -; -; -; KU866988;
HKU49*	<i>Aspergillus hongkongensis</i>	AB987907; -; -; -; LC000578;
NRRL 58600*	<i>Aspergillus jensenii</i>	JQ301892; -; -; -; JN853835;
NRRL 5215*	<i>Aspergillus longivesica</i>	EF669991; -; -; -;
CBS 602.74*	<i>Aspergillus protuberus</i>	EF652460; -; -; -; EF652196;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
NRRL 35641*	<i>Aspergillus puulaauensis</i>	JQ301893; -; -; -; JN853823;
NRRL 58999*	<i>Aspergillus subversicolor</i>	JQ301894; -; -; -; JN853799;
CBS 593.65*	<i>Aspergillus sydowii</i>	EF652450; -; -; -; EF652186;
CBS 122718*	<i>Aspergillus tabacinus</i>	EF652478; -; -; -; EF652214;
NRRL 13150*	<i>Aspergillus tennesseensis</i>	JQ301895; -; -; -; JN853806;
NRRL 13147*	<i>Aspergillus venenatus</i>	JQ301896; -; -; -; JN853803;
CBS 583.65*	<i>Aspergillus versicolor</i>	EF652442; -; -; -; EF652178;
CBS 113149	<i>Penicillium araracuarensis</i>	GU981597; -; -; -; -;
NRRL 31002	<i>Penicillium boreae</i>	AF481122; -; -; -; -;
CBS 253.55	<i>Penicillium brasilianum</i>	GU981577; -; -; -; -;
CBS 299.48	<i>Penicillium camemberti</i>	AB479314; -; -; -; -;
CBS 111720	<i>Penicillium canariense</i>	AF481121; -; -; -; -;
NRRL 1003	<i>Penicillium clavigerum</i>	DQ339555; -; -; -; -;
NRRL 13627	<i>Penicillium coprophilum</i>	AF033469; -; -; -; -;
CBS 115503*	<i>Penicillium crustosum</i>	AF033472; -; -; -; -;
NRRL 5562	<i>Penicillium donkii</i>	AF033445; -; -; -; -;
ATCC 7861*	<i>Penicillium expansum</i>	AY373912; -; -; -; -;
CBS 340.48*	<i>Penicillium janthinellum</i>	GU981585; -; -; -; -;
CBS 109550	<i>Penicillium marinum</i>	KJ834512; -; -; -; -;
CBS 115506	<i>Penicillium melanoconidium</i>	AJ005483; -; -; -; -;
ATCC 44219	<i>Penicillium nordicum</i>	KJ834513; -; -; -; -;
CBS 219.30*	<i>Penicillium oxalicum</i>	AF033438; -; -; -; -;
NRRL 721	<i>Penicillium pullum</i>	AF033443; -; -; -; -;
NRRL 2674	<i>Penicillium raperi</i>	AF033433; -; -; -; -;
NRRL 5816*	<i>Penicillium stolkiaie</i>	AF033444; -; -; -; -;
FRR 963*	<i>Penicillium viridicatum</i>	AY373939; -; -; -; -;
NRRL 2031	<i>Penicillium vulpinum</i>	AF506012; -; -; -; -;
NRRL 238#*	<i>Aspergillus versicolor</i>	EF652442; -; -; -; -;
CBS 132696*	<i>Talaromyces amestolkiaie</i>	JX315660; -; -; -; -;
KACC 46617*	<i>Talaromyces cnidii</i>	KF183639; -; -; -; -;
ACCC 39155*	<i>Talaromyces cucurbitiradicus</i>	KY053254; -; -; -; -;
CBS 310.38*	<i>Talaromyces flavus</i>	JN899360; -; -; -; -;
CBS 272.86*	<i>Talaromyces funiculosus</i>	JN899377; -; -; -; -;
CBS 317.63*	<i>Talaromyces macrosporus</i>	JN899333; -; -; -; -;
CBS 388.87*	<i>Talaromyces marneffeii</i>	JN899344; -; -; -; -;
AS 3.15415*	<i>Talaromyces neofusisporus</i>	KP765385; -; -; -; -;
CBS 631.66*	<i>Talaromyces pinophilus</i>	JN899382; -; -; -; -;
CBS 286.36*	<i>Talaromyces purpureogenus</i>	JN899372; -; -; -; -;
AS3.15414*	<i>Talaromyces qii</i>	KP765384; -; -; -; -;
CBS 475.88*	<i>Talaromyces siamensis</i>	JN899385; -; -; -; -;
CBS 375.48*	<i>Talaromyces stipitatus</i>	JN899348; -; -; -; -;
CBS 408.93*	<i>Talaromyces stollii</i>	JX315674; -; -; -; -;
CBS 788.83#	<i>Trichocoma paradoxa</i>	JN899398; -; -; -; -;
DSM 27310*	<i>Meyerozyma amylolytica</i>	KY673531; -; -; -; -;
CBS 9840*	<i>Meyerozyma athensensis f.a.</i>	NR_111340; -; -; -; -;
CBS 5256*	<i>Meyerozyma carpophila f.a.</i>	AF022719; -; -; -; -;
CBS 9842*	<i>Meyerozyma elateridarum f.a.</i>	NR_111350; -; -; -; -;
CBS 2030*	<i>Meyerozyma guilliermondii</i>	NR_111247; -; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 11061*	<i>Meyerozyma neustonensis f.a.</i>	EF621563; -; -; -; -;
CBS 9839*	<i>Meyerozyma smithsonii f.a.</i>	NR-111339; -; -; -; -;
CBS 7921*	<i>Meyerozyma carpophila</i>	AM158923; -; -; -; -;
CBS 767#*	<i>Debaryomyces hansenii</i>	NR_120016; -; -; -; -;
CBS 120868*	<i>Coniochaeta africana</i>	GQ154539; -; -; -; -;
R-4810*	<i>Coniochaeta canina</i>	JX481775; -; -; -; -;
NBRC 32199*	<i>Coniochaeta cymbiformispora</i>	LC146726; -; -; -; -;
CBS 139768*	<i>Coniochaeta euphorbiae</i>	KP941076; -; -; -; -;
CBS 205.38*	<i>Coniochaeta fasciculata</i>	HE610336; -; -; -; -;
CBS 136963*	<i>Coniochaeta fodinicola</i>	JQ904603; -; -; -; -;
CBS 136964	<i>Coniochaeta fodinicola</i>	JQ904604; -; -; -; -;
CBS 139767*	<i>Coniochaeta iranica</i>	KP941078; -; -; -; -;
CBS 267.33*	<i>Coniochaeta lignicola</i>	HE610335; -; -; -; -;
CBS 267.33*	<i>Coniochaeta lignicola</i>	NR 111520; -; -; -; -;
NBRC 30584*	<i>Coniochaeta nepalica</i>	LC146727; -; -; -; -;
CBS 120875*	<i>Coniochaeta prunicola</i>	GQ154540; -; -; -; -;
CBS 121445	<i>Coniochaeta prunicola</i>	GQ154541; -; -; -; -;
MFLUCC15-1012#*	<i>Chaetosphaeria garethjonesii</i>	KY212751; -; -; -; -;
CMW 9978	<i>Celoportha dispersa</i>	AY214316; -; -; -; -;
CMW26913	<i>Celoportha eucalypti</i>	HQ730839; -; -; -; -;
ATCC 38755	<i>Cryphonectria parasitica</i>	AY141856; -; -; -; -;
CMW18793*	<i>Cryptometrion aestuescens</i>	GQ369459; -; -; -; -;
CMW18790	<i>Cryptometrion aestuescens</i>	GQ369458; -; -; -; -;
CRY1516	<i>Endothiella gyrosa</i>	AF452117; -; -; -; -;
CMW7035*	<i>Holocryphia eucalypti</i>	JQ862838; -; -; -; -;
CMW14545	<i>Holocryphia eucalypti</i>	JQ862840; -; -; -; -;
CMW37319	<i>Immersiporthe knoxdavesiana</i>	JQ862770; -; -; -; -;
CMW37314*	<i>Immersiporthe knoxdavesiana</i>	JQ862765; -; -; -; -;
CMW38367	<i>Microthia havanensis</i>	KJ027495; -; -; -; -;
CMW 11298	<i>Microthia havanensis</i>	AY214320; -; -; -; -;
CMW 18119*	<i>Ursicollum fallax</i>	DQ368755; -; -; -; -;
CMW 28275#	<i>Latruncellus aurorae</i>	HQ171209; -; -; -; -;
CMW 28274#	<i>Latruncellus aurorae</i>	GU726946; -; -; -; -;
CMW10181	<i>Cytospora abyssinica</i>	AY347353; -; -; -; -;
CBS 468.6	<i>Cytospora acaciae</i>	DQ243804; -; -; -; -;
CFCC 89622	<i>Cytospora ambiens</i>	KR045616; -; -; -; KU710944;
CFCC 89615	<i>Cytospora atrocirrhatta</i>	KR045618; -; -; -; KU710946;
CFCC 89927	<i>Cytospora berberidis</i>	KR045620; -; -; -; KU710948;
CBS 116811*	<i>Cytospora brevispora</i>	AF192315; -; -; -; -;
CFCC 89600	<i>Cytospora chrysosperma</i>	KR045623; -; -; -; KU710951;
MFLUCC 16-0574	<i>Cytospora donetzica</i>	KY417731; -; -; -; -;
MFLUCC 16-0641*	<i>Cytospora donetzica</i>	-; -; -; -; KY417798
MFLUCC 16-0580	<i>Cytospora erumpens</i>	KY417733; -; -; -; KY417801;
LSEQ	<i>Cytospora eucalypti</i>	AY347340; -; -; -; -;
CMW 5882	<i>Cytospora eucalyptina</i>	AY347375; -; -; -; -;
MFLUCC 16-0628	<i>Cytospora longiostiolata</i>	KY417734; -; -; -; KY417802;
CFCC 50031	<i>Cytospora mali</i>	KR045636; -; -; -; KU710965;
MFLUCC 15-0851	<i>Cytospora melnikii</i>	KY417735; -; -; -; KY417803;

Nº do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CMW10180*	<i>Cytospora nitschkii</i>	AY347356; -; -; -;
MFLUCC 15-0860	<i>Cytospora nivea</i>	KY417737; -; -; -; KY417805;
CXY1280*	<i>Cytospora palm</i>	JN411939; -; -; -;
MFLUCC 15-0857*	<i>Cytospora parakantschavelii</i>	KY417738; -; -; -; KY417806;
T28.1*	<i>Cytospora parapersoonii</i>	JN411939; -; -; -;
MFLUCC 15-0506*	<i>Cytospora paratranslucens</i>	KY417741; -; -; -; KY417809;
CFCC 50034*	<i>Cytospora pruinopsis</i>	KP281259; -; -; -; KU710970;
MUCC302	<i>Cytospora rhizophorae</i>	EU301057; -; -; -;
MFLUCC 15-0854*	<i>Cytospora rusanovii</i>	KY417744; -; -; -; KY417812;
CFCC 89624	<i>Cytospora sacculus</i>	KR045645; -; -; -; KU710976;
MFLUCC 15-0509*	<i>Cytospora salicacearum</i>	KY417746; -; -; -; KY417814;
MFLUCC 15-0866	<i>Cytospora salicicola</i>	KY417749; -; -; -; KY417817;
MFLUCC 15-0862	<i>Cytospora salicina</i>	KY417750; -; -; -; KY417818;
CFCC 50045	<i>Cytospora sibiraeae</i>	KR045651; -; -; -; KU710982;
MFLUCC 16-0631	<i>Cytospora sorbi</i>	KY417752; -; -; -; KY417820;
MFLUCC 16-0584*	<i>Cytospora sorbicola</i>	KY417755; -; -; -; KY417823;
MFLUCC141057*	<i>Cytospora tanaitica</i>	KT459411; -; -; -;
CBS 142549 [#]	<i>Diaporthe limonicola</i>	MH797629; -; -; -; MH797629;
CBS 364.78*	<i>Clonostachys byssicola</i>	MH861151; -; -; -;
CML 2510	<i>Clonostachys byssicola</i>	KJ499907; -; -; -;
CML 1942	<i>Clonostachys byssicola</i>	KC806267; -; -; -;
CML 1918	<i>Clonostachys chloroleuca</i>	KC806281; -; -; -;
CML 1213	<i>Clonostachys chloroleuca</i>	KC806277; -; -; -;
CML 1940	<i>Clonostachys pseudochroleuca</i>	KC806262; -; -; -;
CBS 187.94*	<i>Clonostachys pseudochroleuca</i>	MH874107; -; -; -;
CBS 361.77	<i>Clonostachys rhizophaga</i>	AF358228; -; -; -;
CML 1210	<i>Clonostachys rhizophaga</i>	KC806272; -; -; -;
CML 2312	<i>Clonostachys rhizophaga</i>	KC806275; -; -; -;
CBS 582.89	<i>Clonostachys rogersoniana</i>	AF210691; -; -; -;
CML 1944	<i>Clonostachys rogersoniana</i>	KC806289; -; -; -;
CBS 154.27*	<i>Clonostachys rosea f. catenulata</i>	AF358231; -; -; -;
CML 2310	<i>Clonostachys rosea f. rosea</i>	KC806257; -; -; -;
CBS 192.94	<i>Clonostrachys pseudochroleuca</i>	AF358238; -; -; -;
CBS 710.86*	<i>Clonostrachys rosea f. rosea</i>	AF358235; -; -; -;
CBS 504.67 [#]	<i>Clonostachys candelabrum</i>	AF210668; -; -; -;
ARSEF 7486*	<i>Metarhizium acridum</i>	HQ331458; -; -; -;
ARSEF 324	<i>Metarhizium acridum</i>	HM055449; -; -; -;
ARSEF 7487	<i>Metarhizium anisopliae</i>	HQ331446; -; -; -;
ARSEF 7450	<i>Metarhizium anisopliae</i>	HQ331464; -; -; -;
ARSEF 4152	<i>Metarhizium brunneum</i>	HQ331452; -; -; -;
ARSEF 2107	<i>Metarhizium brunneum</i>	KC178691; -; -; -;
ARSEF 2596	<i>Metarhizium globosum</i>	HQ331459; -; -; -;
ARSEF 4303	<i>Metarhizium guizhouense</i>	HQ331465; -; -; -;
ARSEF 4321	<i>Metarhizium guizhouense</i>	HQ331442; -; -; -;
TNS F18553	<i>Metarhizium indigoticum</i>	JN049874; -; -; -;
MY07344	<i>Metarhizium kalasinense</i>	KC011179; -; -; -;
MY07343	<i>Metarhizium kalasinense</i>	KC011178; -; -; -;
ARSEF 7412	<i>Metarhizium lepidiotae</i>	HQ331455; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1α; LSU; RPB2
ARSEF 7488	<i>Metarhizium lepidiotae</i>	HQ331456; -; -; -; -
ARSEF 1914	<i>Metarhizium majus</i>	HQ331445; -; -; -; -
ARSEF 1015	<i>Metarhizium majus</i>	HQ331444; -; -; -; -
ARSEF 3210	<i>Metarhizium pingshaense</i>	HQ331449; -; -; -; -
ARSEF 4342	<i>Metarhizium pingshaense</i>	HQ331454; -; -; -; -
ARSEF 727	<i>Metarhizium robertsii</i>	HQ331453; -; -; -; -
ARSEF 2082 [#]	<i>Metarhizium album</i>	AY375446; -; -; -; -
CBS 107.73*	<i>Cordyceps amoene-rosea</i>	AY624168; -; -; -; -
CBS 152.83*	<i>Cordyceps cateniannulata</i>	AY624172; -; -; -; -
CBS 153.83*	<i>Cordyceps cateniobliqua</i>	AY624173; -; -; -; -
TBRC 7274*	<i>Cordyceps chiangdaoensis</i>	KT261393; -; -; -; -
CBS 111113*	<i>Cordyceps farinosa</i>	AY624181; -; -; -; -
CBS 244.31	<i>Cordyceps fumosorosea</i>	AY624182; -; -; -; -
CBS 107.10	<i>Cordyceps fumosorosea</i>	AY624184; -; -; -; -
CBS 134.22	<i>Cordyceps javanica</i>	AY624186; -; -; -; -
TBRC 7275	<i>Cordyceps morakotii</i>	KT261388; -; -; -; -
TBRC 7276*	<i>Cordyceps morakotii</i>	KT261390; -; -; -; -
CBS 114.22	<i>Cordyceps sphingum</i>	AY245641; -; -; -; -
BCC 12688	<i>Cordyceps takaomontana</i>	EU807996; -; -; -; -
BCC 28612	<i>Cordyceps takaomontana</i>	FJ765285; -; -; -; -
CBS 284.36 ^{#*}	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	AY624189; -; -; -; -
IHEM 22910	<i>Engyodontium parvisporum</i>	LC092896; -; -; -; -
CBS 641.74	<i>Engyodontium rectidentatum</i>	LC092895; -; -; -; -
CBS 206.74	<i>Engyodontium rectidentatum</i>	LC092893; -; -; -; -
CBS 658.80	<i>Lecanicillium tenuipes</i>	LC092897; -; -; -; -
UAMH9836-Sc 03	<i>Parengyodontium album</i>	LC092892; -; -; -; -
CBS 368.72-Sc 03	<i>Parengyodontium album</i>	LC092891; -; -; -; -
UAMH11234-Sc 02	<i>Parengyodontium album</i>	LC092890; -; -; -; -
IHEM 4198-Sc 02	<i>Parengyodontium album</i>	LC092887; -; -; -; -
CBS 836.71-Sc 01	<i>Parengyodontium album</i>	LC092882; -; -; -; -
HKU48-Sc 01	<i>Parengyodontium album</i>	LC092879; -; -; -; -
CBS 363.86 [#]	<i>Lecanicillium dimorphum</i>	NR_111101; -; -; -; -
BPI:GJS 08137	<i>Trichoderma afroharzianum</i>	KP115287; -; -; -; -
PPRI20669	<i>Trichoderma asperellum</i>	KX267802; -; -; -; -
CBS 433.97*	<i>Trichoderma asperellum</i>	NR_130668; -; -; -; -
NBRC 101776*	<i>Trichoderma atroviride</i>	NR_077207; -; -; -; -
HMAS 248856*	<i>Trichoderma ganodermais</i>	NR_154581; -; -; -; -
MITS2507	<i>Trichoderma harzianum</i>	EF568084; -; -; -; -
GJS 04-70	<i>Trichoderma harzianum</i>	FJ442674; -; -; -; -
GJS 06-111	<i>Trichoderma harzianum</i>	FJ442631; -; -; -; -
PPRI20683*	<i>Trichoderma koningiopsis</i>	KX267820; -; -; -; -
CBS 110080*	<i>Trichoderma lixii</i>	NR_131264; -; -; -; -
MYA-4777*	<i>Trichoderma parareesei</i>	NR_138453; -; -; -; -
CBS 383.78*	<i>Trichoderma reesei</i>	NR_120297; -; -; -; -
HMAS 252546*	<i>Trichoderma tropicosinense</i>	NR_134441; -; -; -; -
CBS 109339*	<i>Trichoderma virens</i>	NR_138428; -; -; -; -
CBS 121551 ^{#*}	<i>Protocrea farinosa</i>	NR_119700; -; -; -; -
CBS 147.71	<i>Stilbella aciculosa</i>	MH860040; -; -; -; -

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI):
		ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 154.22	<i>Stilbella aciculosa</i>	MH854730; -; -; -; -;
CBS 694.96	<i>Stilbella bucidae</i>	MH862604; -; -; -; -;
CBS 828.70	<i>Stilbella byssiseda</i>	MH859966; -; -; -; -;
CBS 117.84	<i>Stilbella fimetaria</i>	MH861705; -; -; -; -;
CBS 511.67	<i>Stilbella fimetaria</i>	MH859047; -; -; -; -;
CBS 284.36 ^{#*}	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	FR734101; -; -; -; -;
CBS 682.71*	<i>Acremonium acutatum</i>	MH860300; -; -; -; -;
CBS 407.66*	<i>Acremonium alternatum</i>	HE798150; -; -; -; -;
CBS 384.96*	<i>Acremonium citrinum</i>	HF680236; -; -; -; -;
CBS 114785*	<i>Acremonium egyptiacum</i>	FN706550; -; -; -; -;
CBS 768.69*	<i>Acremonium hennebertii</i>	HF680238; -; -; -; -;
CBS 381.70*	<i>Acremonium parvum</i>	HF680219; -; -; -; -;
CBS 124.70*	<i>Acremonium pilosum</i>	HF680228; -; -; -; -;
CBS 124.42*	<i>Acremonium sclerotigenum</i>	FN706552; -; -; -; -;
CBS 491.71 ^{#*}	<i>Emericellopsis maritima</i>	AY632670; -; -; -; -;
CBS 136480	<i>Fusarium acutatum</i>	KU604037; -; -; -; -;
CBS 118518	<i>Fusarium ananatum</i>	KU604023; -; -; -; -;
ATS27	<i>Fusarium andiyazi</i>	KY436167; -; -; -; -;
CBS 134430	<i>Fusarium andiyazi</i>	KR071657; -; -; -; -;
CBS 245.59	<i>Fusarium anthophilum</i>	KR071655; -; -; -; -;
CBS 119855	<i>Fusarium fujikuroi</i>	KR071669; -; -; -; -;
MRC6648	<i>Fusarium globosum</i>	KR909440; -; -; -; -;
CBS 409.97	<i>Fusarium guttiforme</i>	KC464629; -; -; -; -;
CBS 135141	<i>Fusarium napiforme</i>	KR071648; -; -; -; -;
CBS 131377	<i>Fusarium nygamai</i>	KR071696; -; -; -; -;
CBS 138981	<i>Fusarium proliferatum</i>	KT716199; -; -; -; -;
NRRL 22946	<i>Fusarium pseudocircinatum</i>	MG838044; -; -; -; -;
CBS 138962	<i>Fusarium sacchari</i>	KT716200; -; -; -; -;
ATS93	<i>Fusarium sacchari</i>	KY436198; -; -; -; -;
CBS 136481	<i>Fusarium subglutinans</i>	KR071625; -; -; -; -;
CBS 113963	<i>Fusarium thapsinum</i>	KR071691; -; -; -; -;
CBS 114579	<i>Fusarium verticillioides</i>	KU604025; -; -; -; -;
CBS 108942 [#]	<i>Fusarium cf. solani</i>	JX435217; -; -; -; -;
CBS 475.67 [#]	<i>Fusarium falciforme</i>	MH859035; -; -; -; -;
CBS 869.73*	<i>Tolypocladium album</i>	NR 155018; -; -; -; -;
CBS 393.89	<i>Tolypocladium album</i>	MH862176; -; -; -; -;
LA100	<i>Tolypocladium amazonense</i>	HQ022485; -; -; -; -;
MS308*	<i>Tolypocladium amazonense</i>	JQ905653; -; -; -; -;
CBS 718.70*	<i>Tolypocladium cylindrosporium</i>	MH859917; -; -; -; -;
MX486	<i>Tolypocladium endophyticum</i>	KF747245; -; -; -; -;
MX575*	<i>Tolypocladium endophyticum</i>	JX155949; -; -; -; -;
WA18945	<i>Tolypocladium fumosum</i>	KU925171; -; -; -; -;
CBS 723.70*	<i>Tolypocladium geodes</i>	MH859919; -; -; -; -;
-	<i>Tolypocladium inegoensis</i>	AB027368; -; -; -; -;
CBS 824.70*	<i>Tolypocladium inflatum</i>	MH859963; -; -; -; -;
NBRC 106331	<i>Tolypocladium ophioglossoides</i>	JN943320; -; -; -; -;
JFL14081002	<i>Tolypocladium paradoxum</i>	KX017278; -; -; -; -;
MX338	<i>Tolypocladium tropicale</i>	KF747259; -; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI):		
		ITS;	BT2;	TEF-1 α ; LSU; RPB2
IQ214*	<i>Tolypocladium tropicale</i>	KF747254;	-;	-;
EFCC 8572 [#]	<i>Ophiocordyceps gracilis</i>	JN049851;	-;	-;
CBS 128677*	<i>Purpureocillium lavendulum</i>	NR 111433;	-;	-;
CBS 128678	<i>Purpureocillium lavendulum</i>	FR734107;	-;	-;
FMR 8652	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	FR734090;	-;	-;
FMR 8747	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	FR734091;	-;	-;
CBS 284.36*	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	FR734101;	-;	-;
CBS 182.27 [#] *	<i>Paecilomyces marquandii</i>	AY624193;	-;	-;
CBS 117712*	<i>Albifimbria lateralis</i>	KU845881;	-;	KU845938; -;
CBS 126186*	<i>Albifimbria terrestris</i>	KU845883;	-;	KU845940; -;
CBS 127838	<i>Albifimbria terrestris</i>	KU845884;	-;	KU845941; -;
CBS 390.39	<i>Albifimbria verrucaria</i>	KU845894;	-;	KU845951; -;
CBS 328.52*	<i>Albifimbria verrucaria</i>	KU845893;	-;	KU845950; -;
CBS 188.46	<i>Albifimbria verrucaria</i>	KU845888;	-;	KU845945; -;
CBS 244.78	<i>Albifimbria viridis</i>	KU845897;	-;	KU845954; -;
CBS 449.71*	<i>Albifimbria viridis</i>	KU845898;	-;	KU845955; -;
CBS 127346	<i>Albifimbria viridis</i>	KU845899;	-;	KU845956; -;
CBS 127345 [#] *	<i>Dimorphiseta terrestris</i>	KU846314;	-;	KU846401; -;
CBS 121149	<i>Barbatosphaeria barbirostris</i>	-;	-;	EF577059; -;
CBS 127691	<i>Barbatosphaeria dryina</i>	-;	-;	KM492864; -;
ICMP 17629	<i>Ceratostomella cuspidata</i>	-;	-;	FJ617558; -;
CBS 117116	<i>Ceratostomella pyrenaica</i>	-;	-;	DQ076323; -;
CBS 129343	<i>Ceratostomella pyrenaica</i>	-;	-;	KY931835; -;
CBS 398.76	<i>Myrmecridium flexuosum</i>	-;	-;	EU041825; -;
JF 13180	<i>Myrmecridium montsegurinum</i>	-;	-;	KT991664; -;
CBS 100.54	<i>Myrmecridium schulzeri</i>	-;	-;	EU041826; -;
CPC 26548	<i>Myrmecridium spartii</i>	-;	-;	KX306788; -;
ILLS 76895*	<i>Xylomelasma shoalensis</i>	-;	-;	KX290919; -;
CBS 116000	<i>Xylomelasma sordida</i>	-;	-;	AY761087; -;
AFTOL-ID 927 [#]	<i>Diatrype disciformis</i>	-;	-;	DQ470964; -;
CBS 124917*	<i>Graphium adansoniae</i>	GQ200611;	-;	-;
CBS 320.72*	<i>Graphium basitruncatum</i>	AB038427;	-;	-;
JCM 8083	<i>Graphium basitruncatum</i>	AB038425;	-;	-;
UCR2325	<i>Graphium carbonarium</i>	KM592372;	-;	-;
CBS 123610*	<i>Graphium carbonarium</i>	FJ434979;	-;	-;
UCR2980*	<i>Graphium euwallaceae</i>	KF540224;	-;	-;
UCR2308	<i>Graphium euwallaceae</i>	KM592371;	-;	-;
CMW30626*	<i>Graphium fabiforme</i>	GQ200616;	-;	-;
CBS 870.95*	<i>Graphium fimbriisporum</i>	AY148177;	-;	-;
CBS 116194*	<i>Graphium laricis</i>	AY148183;	-;	-;
30628*	<i>Graphium madagascariense</i>	GQ200619;	-;	-;
CBS 102632*	<i>Graphium penicillioides</i>	AB038432;	-;	-;
CMW503*	<i>Graphium pseudormiticum</i>	AY148186;	-;	-;
UCR2159	<i>Graphium sp. 1</i>	KJ131228;	-;	-;
UCR2160	<i>Graphium sp. 1</i>	KJ131229;	-;	-;
CBS 127.84 [#] *	<i>Parascedosporium putredinis</i>	MH861707;	-;	-;
CBS 118736*	<i>Scopulariopsis africana</i>	KX923954;	-;	-;
CBS 119.43*	<i>Scopulariopsis albida</i>	LN850800;	-;	-;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 399.34*	<i>Scopulariopsis alboflavescens</i>	KX923956; -; -; -;
CBS 289.38*	<i>Scopulariopsis asperula</i>	KX923960; -; -; -;
CBS 127812*	<i>Scopulariopsis brevicaulis</i>	LM652465; -; -; -;
MUCL 40743*	<i>Scopulariopsis candida</i>	LM652484; -; -; -;
CBS 480.62	<i>Scopulariopsis caseicola</i>	KX924020; -; -; -;
CBS 138129*	<i>Scopulariopsis cordiae</i>	KX924022; -; -; -;
CBS 207.61*	<i>Scopulariopsis flava</i>	KX924023; -; -; -;
CBS 506.66*	<i>Scopulariopsis macurae</i>	LN850805; -; -; -;
CBS 250.64*	<i>Scopulariopsis sexualis</i>	KX924024; -; -; -;
UAMH 9169*	<i>Scopulariopsis soppii</i>	LM652495; -; -; -;
CBS 435.86#	<i>Pseudoscopulariopsis schumacheri</i>	KX923953; -; -; -;
CBS 117407*	<i>Scedosporium apiospermum</i>	KT008512; -; -; -;
FMR 6918	<i>Scedosporium apiospermum</i>	AJ888433; -; -; -;
CBS 116910*	<i>Scedosporium aurantiacum</i>	HQ231818; -; -; -;
WM 06.466	<i>Scedosporium aurantiacum</i>	EF568073; -; -; -;
CBS 101.22*	<i>Scedosporium boydii</i>	KT008518; -; -; -;
CBS 322.51	<i>Scedosporium boydii</i>	KT008529; -; -; -;
CBS 499.90	<i>Scedosporium dehoogii</i>	KT008548; -; -; -;
CBS 117406*	<i>Scedosporium dehoogii</i>	KT163400; -; -; -;
CBS 489.72*	<i>Scedosporium desertorum</i>	KT008561; -; -; -;
CBS 116911	<i>Scedosporium minutisporum</i>	HQ185354; -; -; -;
CBS 116595	<i>Scedosporium minutisporum</i>	KT008557; -; -; -;
G79	<i>Scedosporium rarisporum</i>	KX790702; -; -; -;
EM65901.2	<i>Scedosporium sanyaense</i>	KX790701; -; -; -;
EM65901 C	<i>Scedosporium sanyaense</i>	KJ001005; -; -; -;
CBS 118736#	<i>Scopulariopsis africana</i>	KX923954; -; -; -;
AFTOL-ID 736	<i>Lanspora coronata</i>	U46889; -; -; U46889; -;
AFTOL-ID 766	<i>Phomatospora bellaminuta</i>	FJ176857; -; -; FJ176857; -;
MFLUCC14-0832B	<i>Phomatospora biseriata</i>	KX549454; -; -; KX549449; -;
MFLUCC14-0832A	<i>Phomatospora biseriata</i>	KX549453; -; -; KX549448; -;
CBS 133932	<i>Phomatospora striatigera</i>	KM213617; -; -; KM213618; -;
MFLU 16-1973	<i>Phomatospora viticola</i>	KX549457; -; -; KX549452; -;
MFLUCC 14-0833	<i>Tenuimurus clematidis</i>	KX549455; -; -; KX549450; -;
MFLU 16-1971	<i>Tenuimurus clematidis</i>	KX549456; -; -; KX549451; -;
CBS 124655#	<i>Amplistroma caroliniana</i>	FJ532377; -; -; FJ532377; -;
CBS 145.38*	<i>Chaetomium afropilosum</i>	KT214574; -; -; -;
MUCL 39526	<i>Chaetomium globosum</i>	JN209875; -; -; -;
CBS 160.62*	<i>Chaetomium globosum</i>	KT214565; -; -; -;
CBS 128484*	<i>Chaetomium novozelandicum</i>	KT214578; -; -; -;
CBS 124555	<i>Chaetomium novozelandicum</i>	KT214576; -; -; -;
CBS 574.71*	<i>Chaetomium pseudoglobosum</i>	KT214573; -; -; -;
CBS 483.73	<i>Chaetomium subglobosum</i>	KT214581; -; -; -;
CBS 149.60*	<i>Chaetomium subglobosum</i>	JN209930; -; -; -;
CBS 151.59*	<i>Chaetomium telluricola</i>	KT214582; -; -; -;
CBS 142.38	<i>Chaetomium tenue</i>	KT214571; -; -; -;
CBS 139.38*	<i>Chaetomium tenue</i>	KT214568; -; -; -;
CBS 293.83*	<i>Chaetomium umbonatum</i>	KT214575; -; -; -;
CBS 128446*	<i>Chaetomium unguicola</i>	KT214567; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI):
		ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 333.67 ^{#*}	<i>Achaetomium strumarium</i>	AY681204; -; -; -; -;
CBS 124788	<i>Arthrinium arundinis</i>	KF144885; -; -; -; -;
CBS 114316	<i>Arthrinium arundinis</i>	KF144884; -; -; -; -;
LC8181	<i>Arthrinium camelliae-sinensis</i>	KY494761; -; -; -; -;
LC5007*	<i>Arthrinium camelliae-sinensis</i>	KY494704; -; -; -; -;
IMI 285638b	<i>Arthrinium euphorbiae</i>	AB220241; -; -; -; -;
LC4577*	<i>Arthrinium jiangxiense</i>	KY494693; -; -; -; -;
CBS 113333*	<i>Arthrinium kogelbergense</i>	KF144892; -; -; -; -;
CBS 102053*	<i>Arthrinium malaysianum</i>	KF144896; -; -; -; -;
CPC 21546*	<i>Arthrinium pseudosinense</i>	KF144910; -; -; -; -;
LC5630	<i>Arthrinium thailandicum</i>	KY494714; -; -; -; -;
MFLUCC 15-0202*	<i>Arthrinium thailandicum</i>	KU940145; -; -; -; -;
LC3486	<i>Arthrinium xenocordella</i>	KY494687; -; -; -; -;
CBS 478.86*	<i>Arthrinium xenocordella</i>	KF144925; -; -; -; -;
CBS 480.73 [#]	<i>Nigrospora gorkenkaana</i>	KX986048; -; -; -; -;
EL58C	<i>Peroneutypa alsophila</i>	AJ302467; -; -; -; -;
BAFC:393	<i>Peroneutypa comosa</i>	KF964568; -; -; -; -;
HUEFS 136877	<i>Peroneutypa curvispora</i>	KM396641; -; -; -; -;
HUEFS 131248	<i>Peroneutypa curvispora</i>	KM396646; -; -; -; -;
MFLUCC 17-2144	<i>Peroneutypa diminutiasca</i>	MG873479; -; -; -; -;
HUEFS 192196*	<i>Peroneutypa diminutispora</i>	KM396647; -; -; -; -;
EL53M	<i>Peroneutypa kochiana</i>	AJ302462; -; -; -; -;
MFLUCC 17-0371*	<i>Peroneutypa longiasca</i>	MF959502; -; -; -; -;
MFLUCC 16-0072*	<i>Peroneutypa mackenziei</i>	KY283083; -; -; -; -;
MFLUCC 17-2142	<i>Peroneutypa rubiformis</i>	MG873477; -; -; -; -;
MFLUCC 11-0478	<i>Peroneutypa scoparia</i>	KU940151; -; -; -; -;
MFLUCC 11-0615	<i>Peroneutypa scoparia</i>	KU940152; -; -; -; -;
MFLUCC 17-2143	<i>Peroneutypa scoparia</i>	MG873478; -; -; -; -;
MFLUCC 14-1228	<i>Annulohypoxylon urceolatum</i>	KP401578; -; -; -; -;
ATCC 76081	<i>Annulohypoxylon atroroseum</i>	AJ390397; -; -; -; -;
MFLUCC 13-0599	<i>Annulohypoxylon stygium</i>	KP401579; -; -; -; -;
MUCL 54600	<i>Annulohypoxylon stygium</i>	KC968940; -; -; -; -;
STMA 14066	<i>Annulohypoxylon substygium</i>	KU604575; -; -; -; -;
MUCL 51708*	<i>Annulohypoxylon substygium</i>	KC968915; -; -; -; -;
STMA 14142 ^{#*}	<i>Hypoxylon lilloi</i>	KU604574; -; -; -; -;
M68 [#]	<i>Eutypella cerviculata</i>	JF340269; -; -; -; -;
UTHSC 06-1820*	<i>Phialemoniopsis cornearis</i>	HE599284; -; -; -; -;
UTHSC 06-1465	<i>Phialemoniopsis cornearis</i>	HE599285; -; -; -; -;
UTHSC 04-956	<i>Phialemoniopsis curvata</i>	HE599295; -; -; -; -;
UTHSC 06-4324	<i>Phialemoniopsis curvata</i>	HE599288; -; -; -; -;
CBS 490.82*	<i>Phialemoniopsis curvata</i>	HE599290; -; -; -; -;
ACCC 38979	<i>Phialemoniopsis endophytica</i>	KT799555; -; -; -; -;
ACCC 38978	<i>Phialemoniopsis endophytica</i>	KT799556; -; -; -; -;
HKU39*	<i>Phialemoniopsis hongkongensis</i>	KJ573442; -; -; -; -;
UTHSC 05-2527	<i>Phialemoniopsis ocularis</i>	HE599281; -; -; -; -;
UTHSC 07-3736	<i>Phialemoniopsis ocularis</i>	HE599283; -; -; -; -;
UTHSC 04-7*	<i>Phialemoniopsis pluriloculosa</i>	HE599286; -; -; -; -;
UTHSC 09-3589	<i>Phialemoniopsis pluriloculosa</i>	HE599287; -; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 259.39 [#] *	<i>Phialeonium inflatum</i>	HE610364; -; -; -;
MFLUCC12-0281*	<i>Neopestalotiopsis clavispora</i>	-; -; JX399045; -; -;
CBS 114159*	<i>Neopestalotiopsis australis</i>	-; -; KM199537; -; -;
CBS 600.96*	<i>Neopestalotiopsis cubana</i>	-; -; KM199521; -; -;
MFLUCC12-0283*	<i>Neopestalotiopsis ellipsospora</i>	-; -; JX399047; -; -;
CGMCC3.9123*	<i>Neopestalotiopsis foedans</i>	-; -; JX399053; -; -;
CBS 362.72*	<i>Neopestalotiopsis formicarum</i>	-; -; KM199517; -; -;
CBS 114495	<i>Neopestalotiopsis honoluluana</i>	-; -; KM199548; -; -;
CBS 137768*	<i>Neopestalotiopsis iranensia</i>	-; -; KM074051; -; -;
CBS 257.31*	<i>Neopestalotiopsis javaensis</i>	-; -; KM199543; -; -;
CBS 336.86*	<i>Neopestalotiopsis mesopotamicus</i>	-; -; KM199555; -; -;
CBS 138.41*	<i>Neopestalotiopsis natalensis</i>	-; -; KM199552; -; -;
HGUP4019*	<i>Neopestalotiopsis offeae-arabicae</i>	-; -; KF412646; -; -;
CBS 114178*	<i>Neopestalotiopsis protearum</i>	-; -; KM199542; -; -;
CBS 101057*	<i>Neopestalotiopsis rosa</i>	-; -; KM199523; -; -;
MFLUCC12-0282*	<i>Neopestalotiopsis saprophyta</i>	-; -; JX399048; -; -;
IMI 192475*	<i>Neopestalotiopsis steyaertii</i>	-; -; KF582792; -; -;
CBS 450.74*	<i>Neopestalotiopsis surinamensis</i>	-; -; KM199518; -; -;
CBS 111495*	<i>Neopestalotiopsis zimbabwana</i>	-; -; KM199545; -; -;
CBS 265.37 [#]	<i>Pestalotiopsis parva</i>	-; -; KM199508; -; -;
TMIC 34930	<i>Phlebia acerina</i>	AB210079; -; -; -;
FCUG 568	<i>Phlebia acerina</i>	AF141615; -; -; -;
TMI TMIC33929	<i>Phlebia brevispora</i>	AB084614; -; -; -;
HHB-9905	<i>Phlebia floridensis</i>	KP135383; -; -; -;
AFTOL-ID 484	<i>Phlebia radiata</i>	AY854087; -; -; -;
FCUG 2397	<i>Phlebia rufa</i>	AF141628; -; -; -;
-	<i>Phlebia rufa</i>	AY787679; -; -; -;
PH11749	<i>Phlebia setulosa</i>	GU461312; -; -; -;
KUC20130808-15 [#]	<i>Phanerochaete sordida</i>	KJ668491; -; -; -;
FP105050sp	<i>Corioloopsis cf. byrsina</i>	JN165001; -; -; -;
CR22	<i>Corioloopsis cf. caperata</i>	JN164999; -; -; -;
RLG7630sp	<i>Corioloopsis gálica</i>	JN165013; -; -; -;
RLG4286sp	<i>Corioloopsis trogii</i>	JN164993; -; -; -;
OMC-1405*	<i>Fomitella supina</i>	KY948711; -; -; -;
FP150666*	<i>Dendrodontia bicolor</i>	KY948710; -; -; -;
WD2138	<i>Polyporus arcularius</i>	AB478874; -; -; -; AB368138;
WD2372	<i>Polyporus brumalis</i>	AB478877; -; -; -; AB368141;
LE301310	<i>Polyporus chozeniae</i>	KJ595567; -; -; -;
CulTENN10167	<i>Polyporus ciliatus</i>	AB070882; -; -; -; KU189981;
DAOM:229479*	<i>Polyporus longiporus</i>	AB478880; -; -; -;
SFC 20130704-20	<i>Polyporus orientivarius</i>	NR_158924; -; -; -;
IFP:Yu2	<i>Polyporus subvarius</i>	AB587632; -; -; -;
MSUT 6734*	<i>Polyporus thailandensis</i>	LC052221; -; -; -; KX851757;
9591s	<i>Polyporus tricholoma</i>	AB478884; -; -; -; AB368157;
WD691	<i>Polyporus varius</i>	AB587635; -; -; -; AB368167;
TUMH 50004 [#]	<i>Neofavolus alveolares</i>	AB735967; -; -; -; AB368136;
CBS 329.66	<i>Peniophora albobadia</i>	MH858809; -; -; -;
CBS 261.37	<i>Peniophora cinérea</i>	MH855905; -; -; -;

N° do isolado	Espécie	Número de acesso (NCBI): ITS; BT2; TEF-1 α ; LSU; RPB2
CBS 663.91*	<i>Peniophora crassitunicata</i>	MH862292; -; -; -;
CBS 357.95*	<i>Peniophora gilbertsonii</i>	MH862528; -; -; -;
CBS 349.54	<i>Peniophora junipericola</i>	MH857354; -; -; -;
CBS 260.56	<i>Peniophora lycii</i>	MH857620; -; -; -;
CBS 289.58	<i>Peniophora meridionalis</i>	MH857789; -; -; -;
CBS 676.91	<i>Peniophora molesta</i>	MH862294; -; -; -;
CBS 270.56	<i>Peniophora pini</i>	MH857628; -; -; -;
CBS 405.50	<i>Peniophora próxima</i>	MH856685; -; -; -;
CBS 397.83	<i>Peniophora reidii</i>	MH861616; -; -; -;
CBS 280.56	<i>Peniophora rufomarginata</i>	MH857638; -; -; -;
CBS 874.84*	<i>Peniophora simulans</i>	MH861849; -; -; -;
CBS 438.62	<i>Peniophora tamaricicola</i>	MH858203; -; -; -;
CBS 358.61	<i>Peniophora versicolor</i>	MH858082; -; -; -;
CBS 238.87 [#]	<i>Scytinostroma microspermum</i>	MH862070; -; -; -;

Fonte: National Center for Biotechnology Information <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>

A autora (2019)

NOTA: *Indica espécies referência; [#]Indica espécie utilizada como *out-group*.

APÊNDICE 2 – MEIOS DE CULTURA

A – Meio LBM 10x - Estoque

Reagente	g/L
Cloreto de Cálcio Dihidratado - $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$	0,1
Extrato de Levedura	0,1
Fosfato de Potássio Monobásico - KH_2PO_4	1
Sulfato de Cobre Pentahidratado - $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$	0,01
Sulfato de Magnésio Heptahidratado - $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	5
Sulfato de Manganês Monohidratado - $\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$	0,01
Sulfato Férrico - $\text{Fe}_2(\text{SO}_4)_3$	0,01
Tartarato de Amônio - $\text{C}_4\text{H}_4\text{N}_2\text{O}_6$	5

Os componentes do meio de cultura estoque foram diluídos em 1L de água destilada, seguido de autoclavagem por 15 min. a 120°C. e mantido em geladeira até o momento do uso. O meio LBM 1x foi preparado a partir do meio estoque 10x diluído em água destilada na proporção de 1:9 e autoclavado por 15 min. a 120°C. Separadamente, uma solução de glicose a 20% foi esterilizada por 15 min. em vapor fluente. Ao meio LBM 1x autoclavado foi acrescido 1mL da solução de glicose a 20% a cada 100mL.

FONTE: POINTING (1999).

B – Meio de Descoloração

Reagente	Concentração
Corante	0,1%
Glicose	2%
Peptona	1%
Sulfato de Cobre	1mM

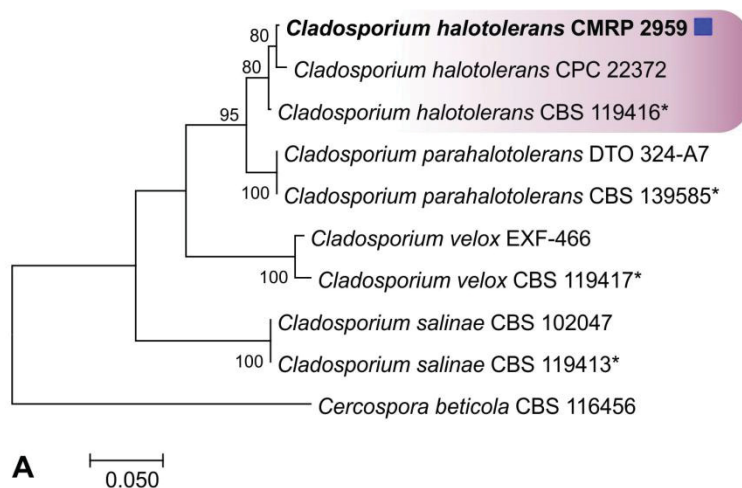
Os componentes do meio foram diluídos em 1L de meio LMB 1x e autoclavados por 15 min. a 120°C.

FONTE: Adaptado de TARA et al. (2010).

APÊNDICE 3 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM CAPNODIALES

Capnodiales

Cladosporiaceae

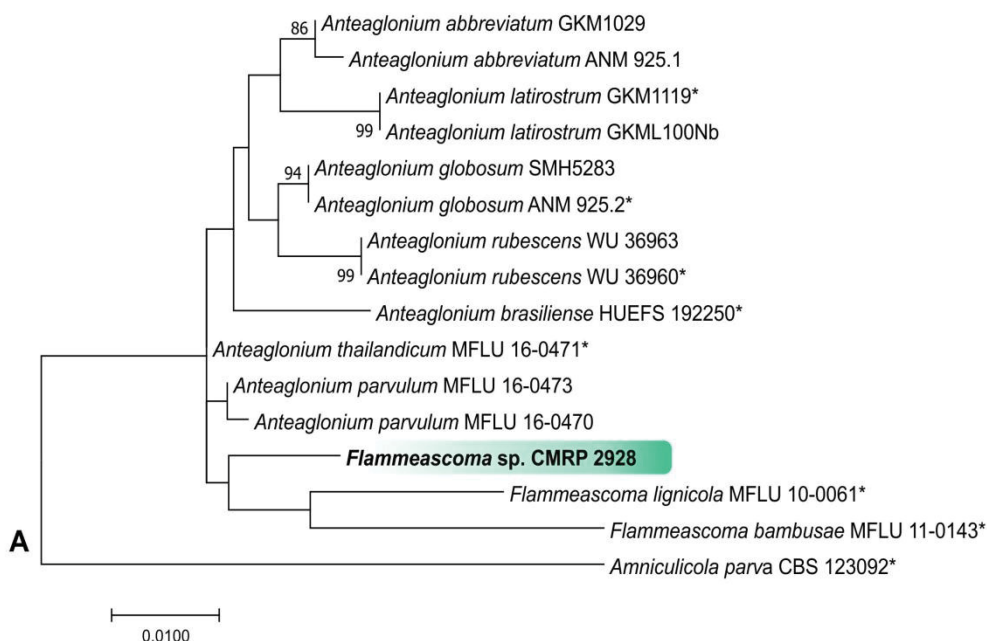


Árvore filogenética da ordem Capnodiales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. Família Cladosporiaceae, gênero *Cladosporium*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e do fator de alongação (TEF-1 α) do rDNA. Outgroup *Cercospora beticola*. Quadrado Azul indica linhagem peroxidase positiva.

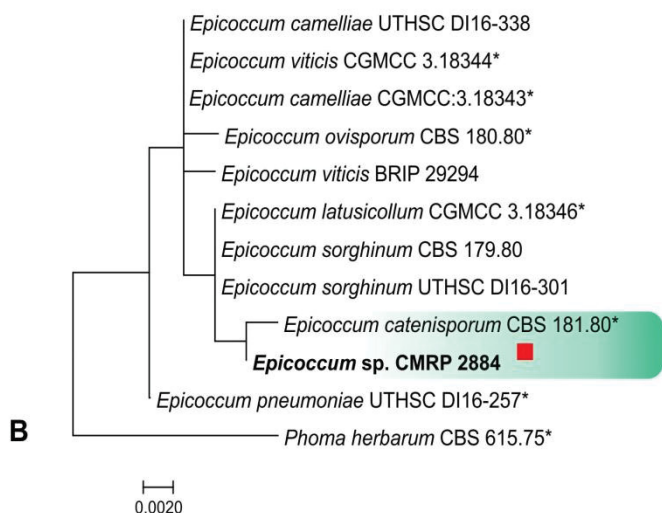
APÊNDICE 4 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PLEOSPORALES 1

Pleosporales

Anteagloniaceae



Didymellaceae

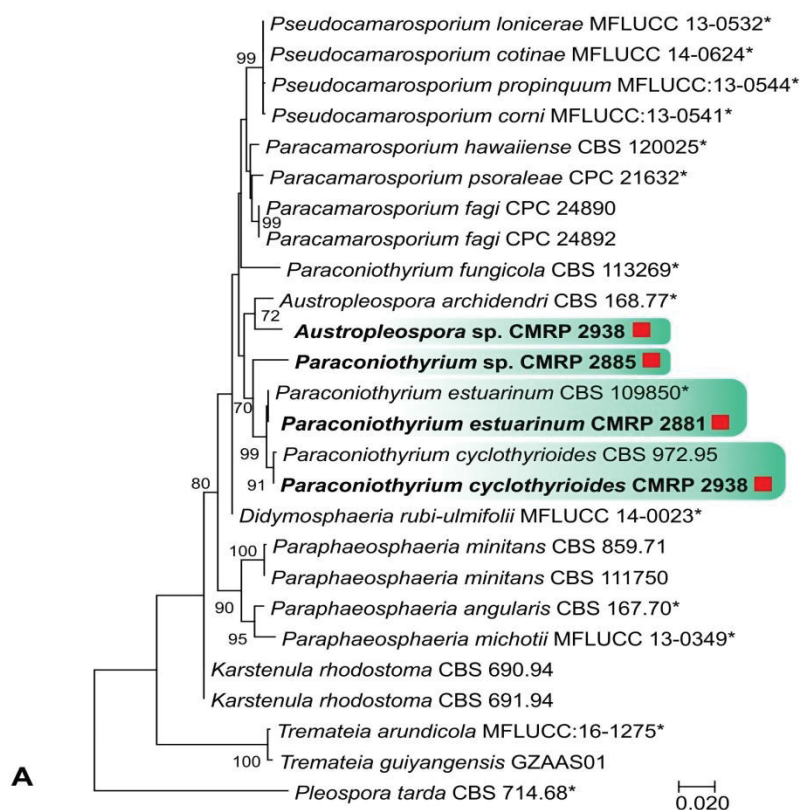


Árvore filogenética da ordem Pleosporales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Anteagloniaceae, gênero *Flammeascoa* utilizando o modelo Tamura-Nei baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e subunidade maior do ribossomo 18S (LSU) do rDNA. Outgroup *Amniculicola parva*. **(B)** Família Didymellaceae, gênero *Epicoccum*, utilizando o modelo Jukes-Cantor baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Phomaherbarum*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

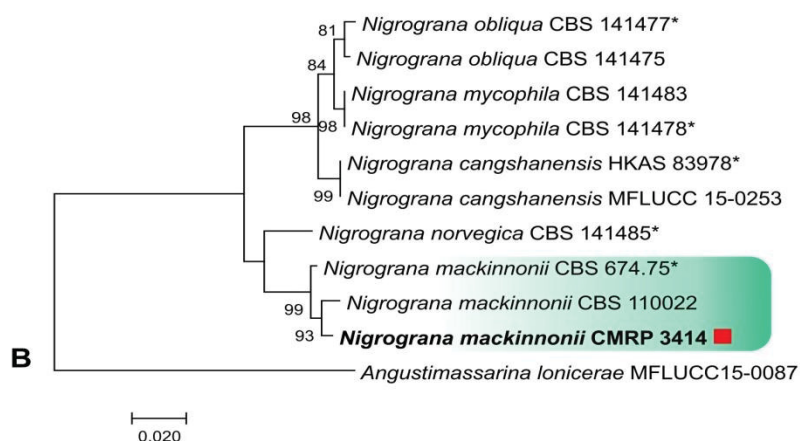
APÊNDICE 5 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PLEOSPORALES 2

Pleosporales

Didymosphaeriaceae



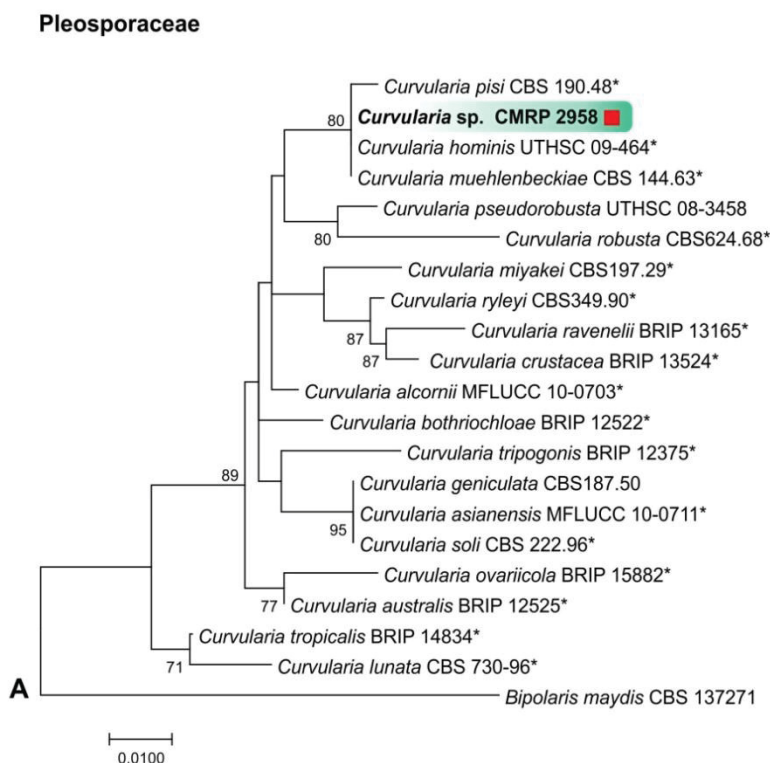
Nigrogranaceae



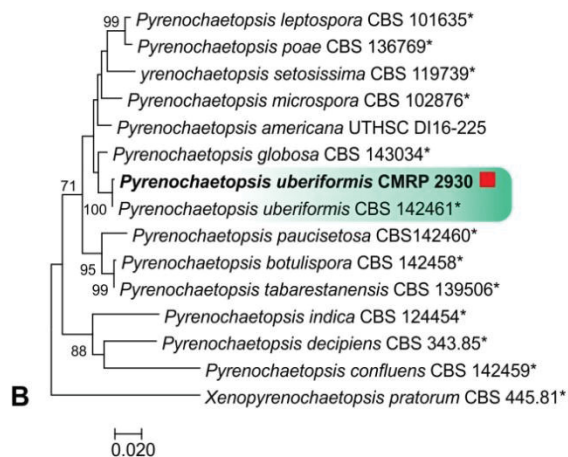
Árvore filogenética da ordem Pleosporales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Didymosphaeriaceae, gêneros *Austropleospora* e *Paraconiothyrium* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e subunidade maior do ribossomo 18S (LSU) do rDNA. Outgroup *Pleospora tarda*. **(B)** Família Nigrogranaceae, gênero *Nigrograna* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Angustimassarina lonicerae*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 6 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PLEOSPORALES 3

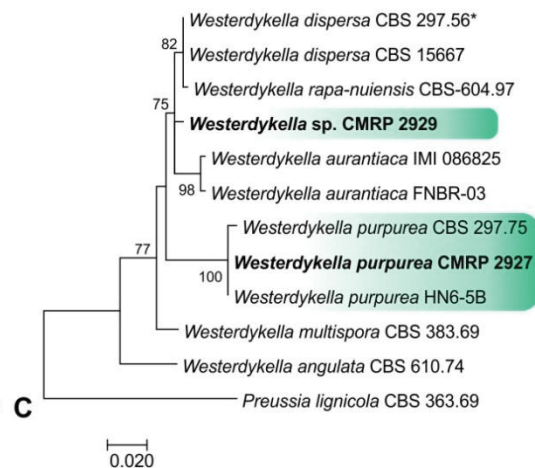
Pleosporales



Pyrenochaetopsidaceae



Sporormiaceae

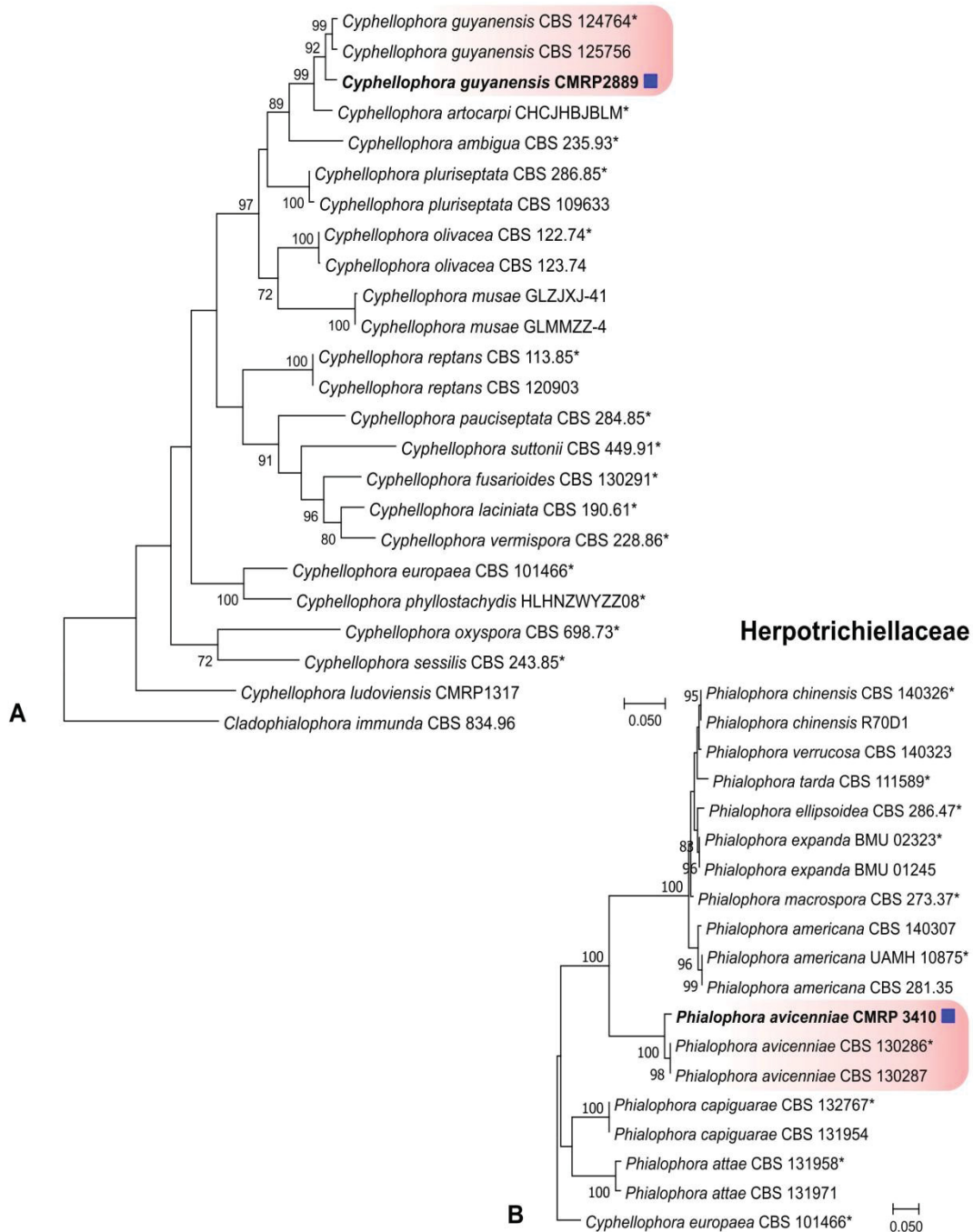


Árvore filogenética da ordem Pleosporales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Pleosporaceae, gênero *Curvularia* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Bipolaris maydis*. **(B)** Família Pyrenochaetopsidaceae, gênero *Pyrenochaetopsis* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e β -tubulina (β -tub) do rDNA. Outgroup *Xenopyrenochaetopsis pratorum*. **(C)** Família Sporormiaceae, gênero *Westerdykella* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Preussia lignicola*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 7 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM CHAETOTHYRIALES

Chaetothyriales

Cyphellophoraceae

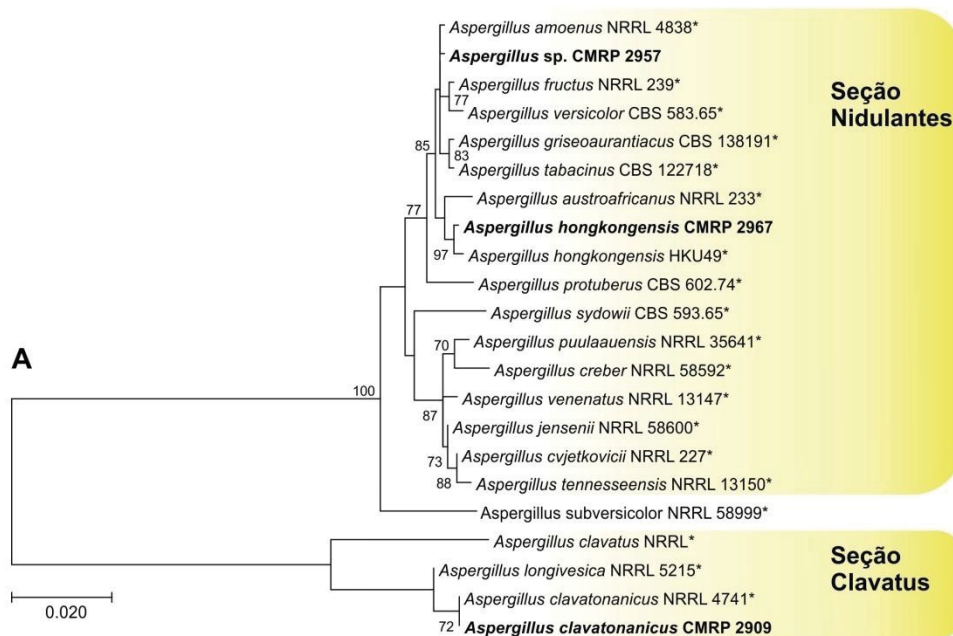


Árvore filogenética da ordem Chaetothyriales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Cyphellophoraceae, gênero *Cyphellophora*, utilizando o modelo Tamura-Nei baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Cladophialophora immunda*. **(B)** Família Herpotrichiellaceae, gênero *Phialophora*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Cyphellophora europaea*. Quadrado azul indica linhagem peroxidase positiva.

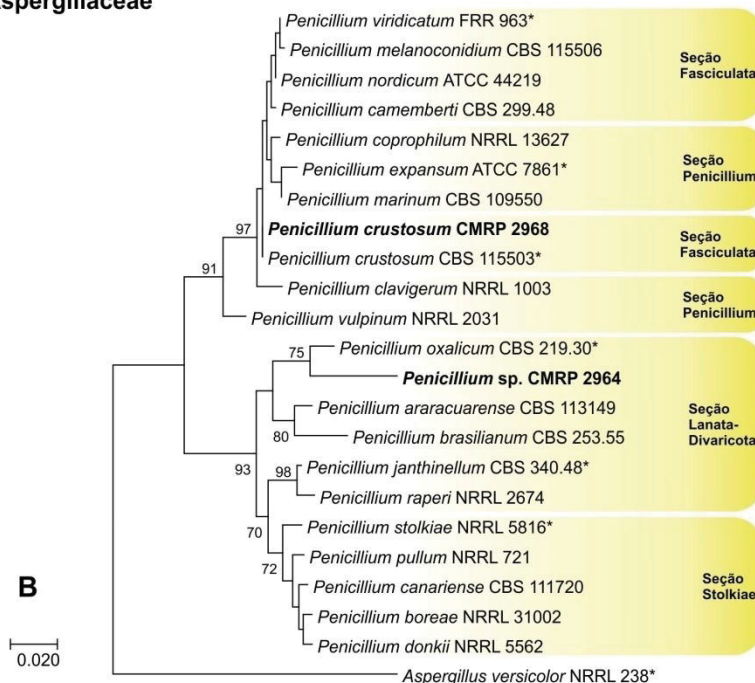
APÊNDICE 8 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM EUROTIALES 1

Eurotiales

Aspergillaceae



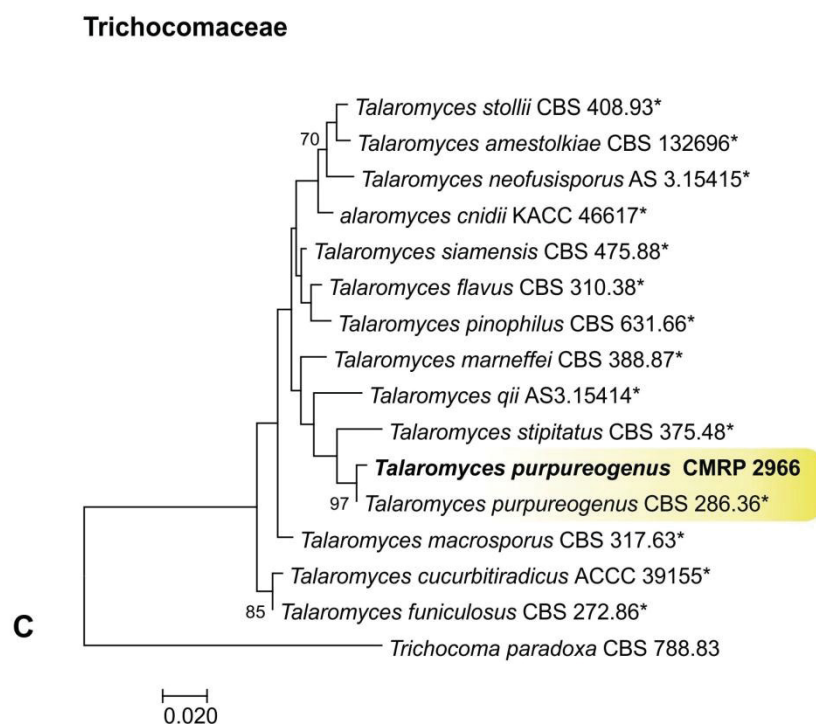
Aspergillaceae



Árvore filogenética da ordem Eurotiales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Aspergillaceae, gênero *Aspergillus*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e RNA polimerase II (RPB2) do rDNA. Outgroup seção clavati; **(B)** Gênero *Penicillium*, utilizando o modelo General Time Reversible baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Aspergillus versicolor*.

APÊNDICE 9 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM EUROTIALES 2

Eurotiales

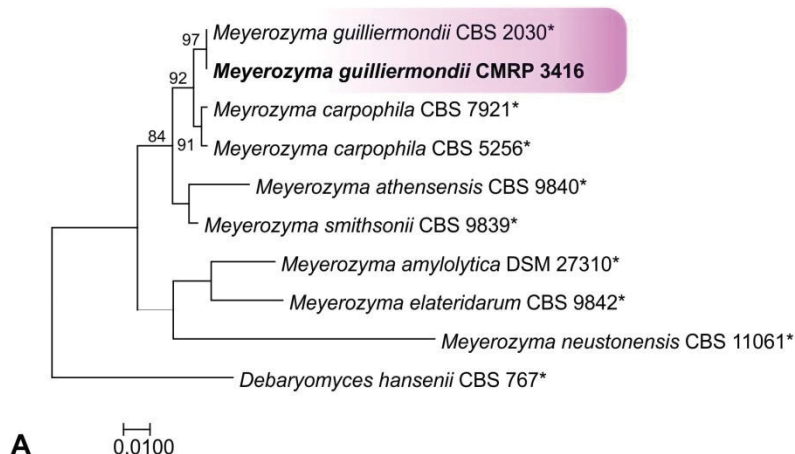


Árvore filogenética da ordem Eurotiales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. (C) Família Trichocomaceae, gênero *Talaromyces*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Trichocoma paradoxa*.

APÊNDICE 10 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM SACCHAROMYCETALES E CONIOCHAETALES

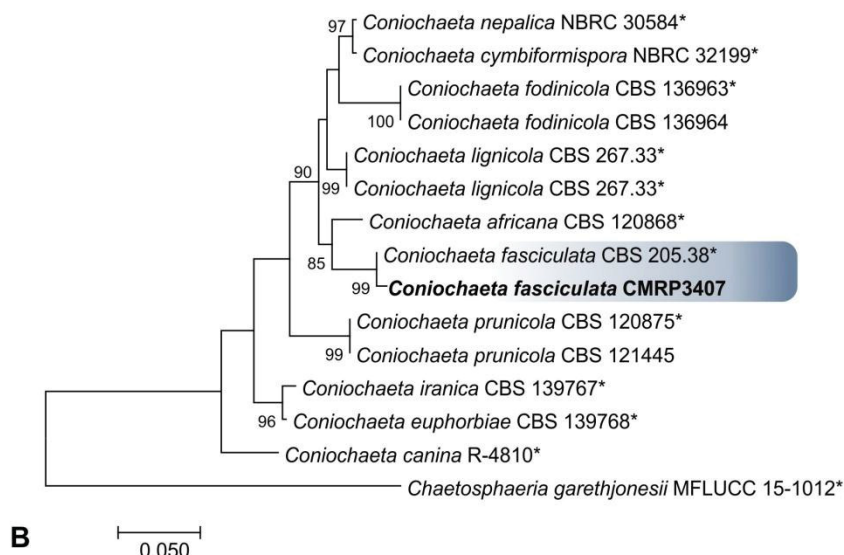
Saccharomycetales

Debaryomycetaceae



Coniochaetales

Coniochaetaceae

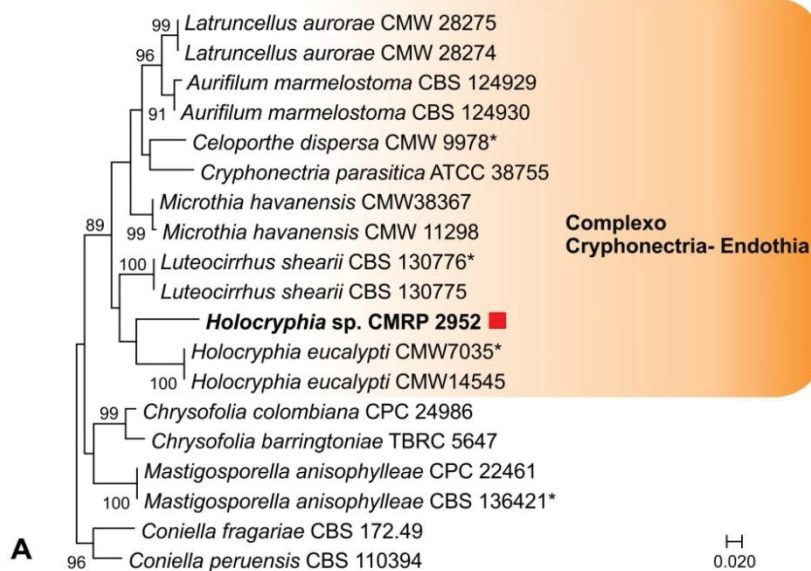


Árvore filogenética da ordem Saccharomycetales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Debaryomycetaceae, gênero *Meyerozyma*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Debaryomyces hansenii*. **(B)** Família Coniochaetaceae, gênero *Coniochaeta*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Chaetosphaeria garethjonesii*.

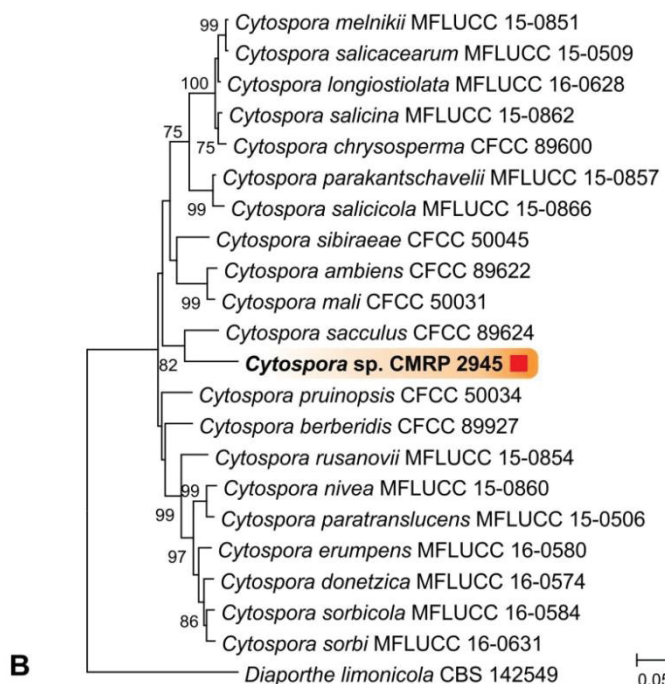
APÊNDICE 11 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM DIAPORTHALES

Diaporthales

Cryphonectriaceae



Valsaceae

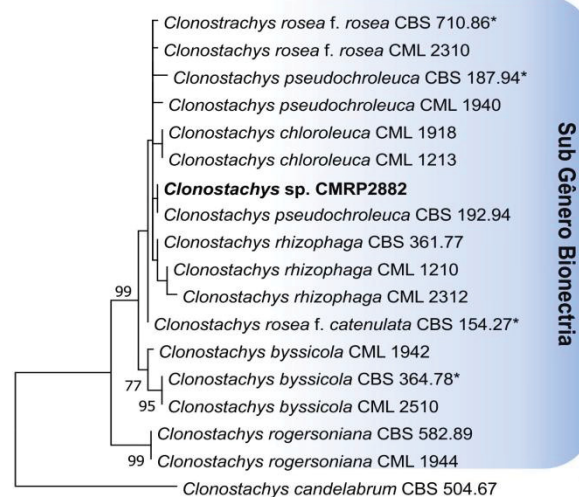


Árvore filogenética da ordem Diaporthales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Chryphonectriaceae, complexo *Chryphonectria-Endothia*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Coniella peruensis*. **(B)** Família Valsaceae, gênero *Cytospora* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e β -tubulina (β -tub) do rDNA. Outgroup *Diaporthe limonicola*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

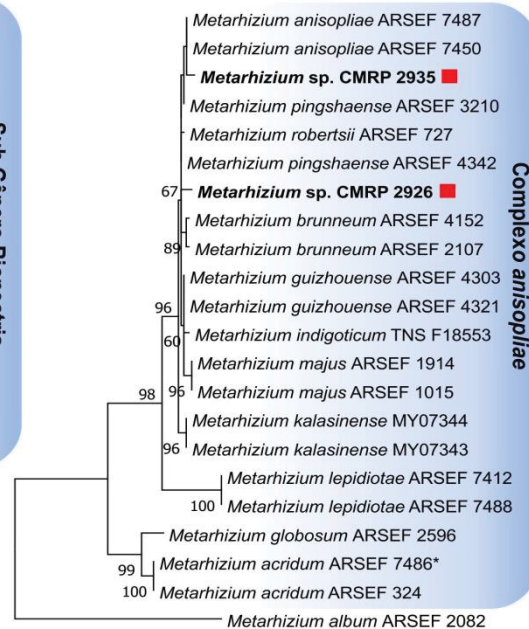
APÊNDICE 12 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 1

Hypocreales

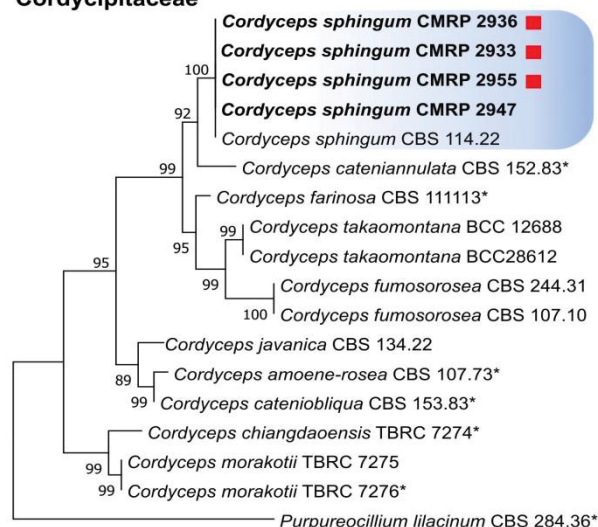
Bionectriaceae



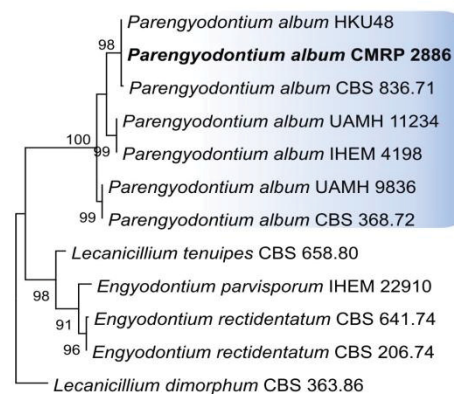
Clavicipitaceae



Cordycipitaceae



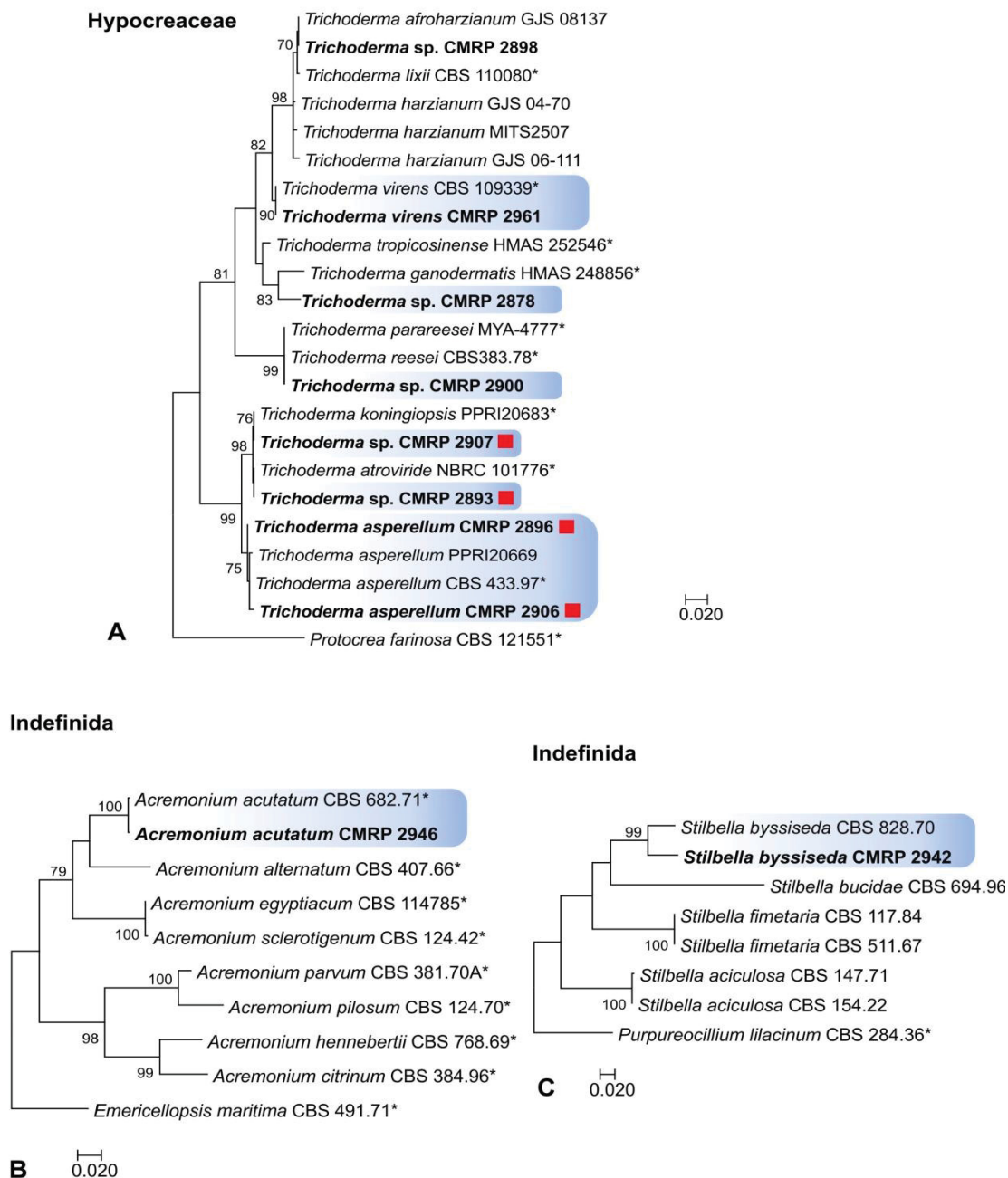
Cordycipitaceae



Árvore filogenética da ordem Hypocreales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Bionectriaceae, gênero *Clonostachys*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Clonostachys candelabrum*. **(B)** Família Clavicipitaceae, gênero *Metarhizium*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Metarhizium álbum*. **(C)** Família Cordycipitaceae, gênero *Cordyceps*, utilizando o modelo Hasegawa-Kishino-Yanobaseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Purpureocillium lilacinum*; **(D)** Gênero *Parengyodontium*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Lecanicillium dimorphum*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 13 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 2

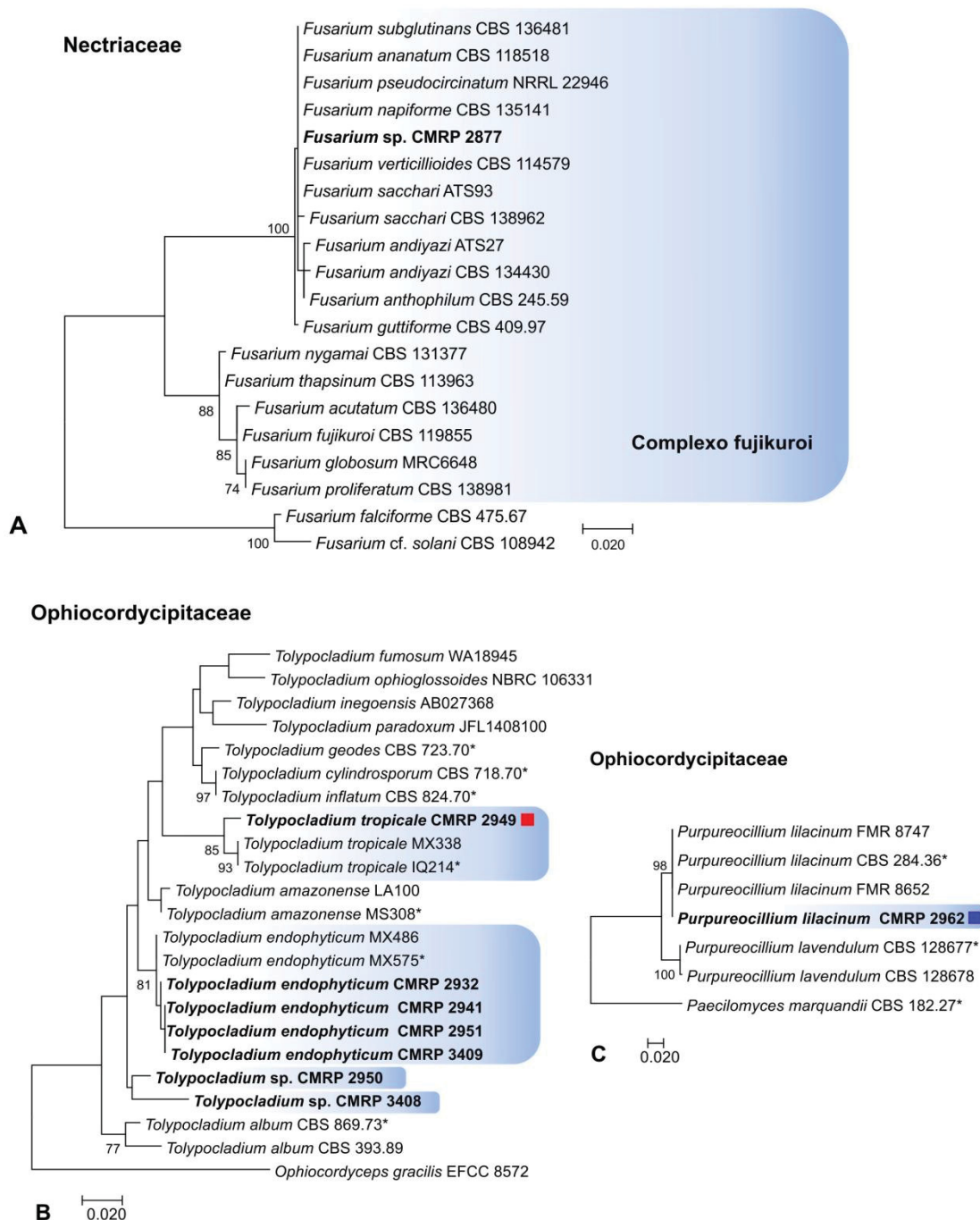
Hypocreales



Árvore filogenética da ordem Hypocreales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Hypocreaceae, gênero *Trichoderma*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2. Outgroup *Protocrea farinosa*. **(B)** Família indefinida, gênero *Stilbella*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Purpureocillium lilacinum*; **(C)** Gênero *Acremonium*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Emericellopsis maritima*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva

APÊNDICE 14 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 3

Hypocreales

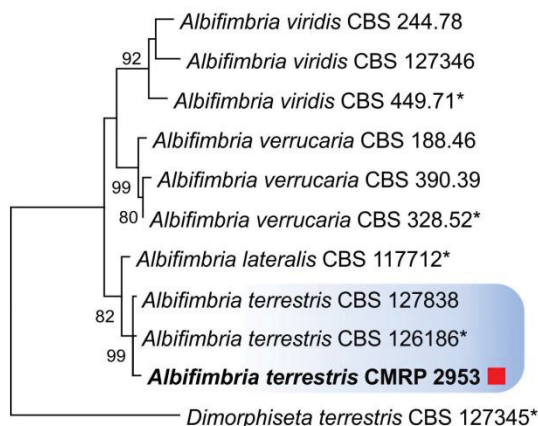


Árvore filogenética da ordem Hypocreales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Nectriaceae, gênero *Fusarium*, utilizando o modelo Jukes-Cantor baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Fusarium cf. solani*. **(B)** Família Ophiocordycipitaceae, Gênero *Tolypocladium*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Ophiocordyceps gracilis*; **(C)** Gênero *Purpureocillium*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Paecilomyces marquandii*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva e azul indica peroxidase positiva.

APÊNDICE 15 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM HYPOCREALES 4 E TAXONOMICAMENTE INDEFINIDA

Hypocreales

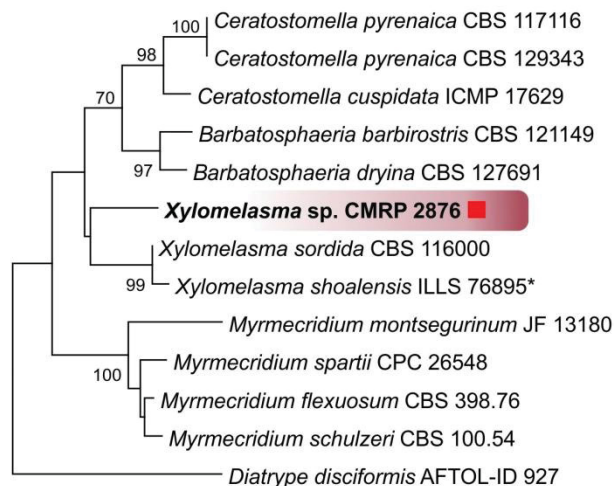
Stachybotryaceae



A 0.020

Indefinido

Indefinido

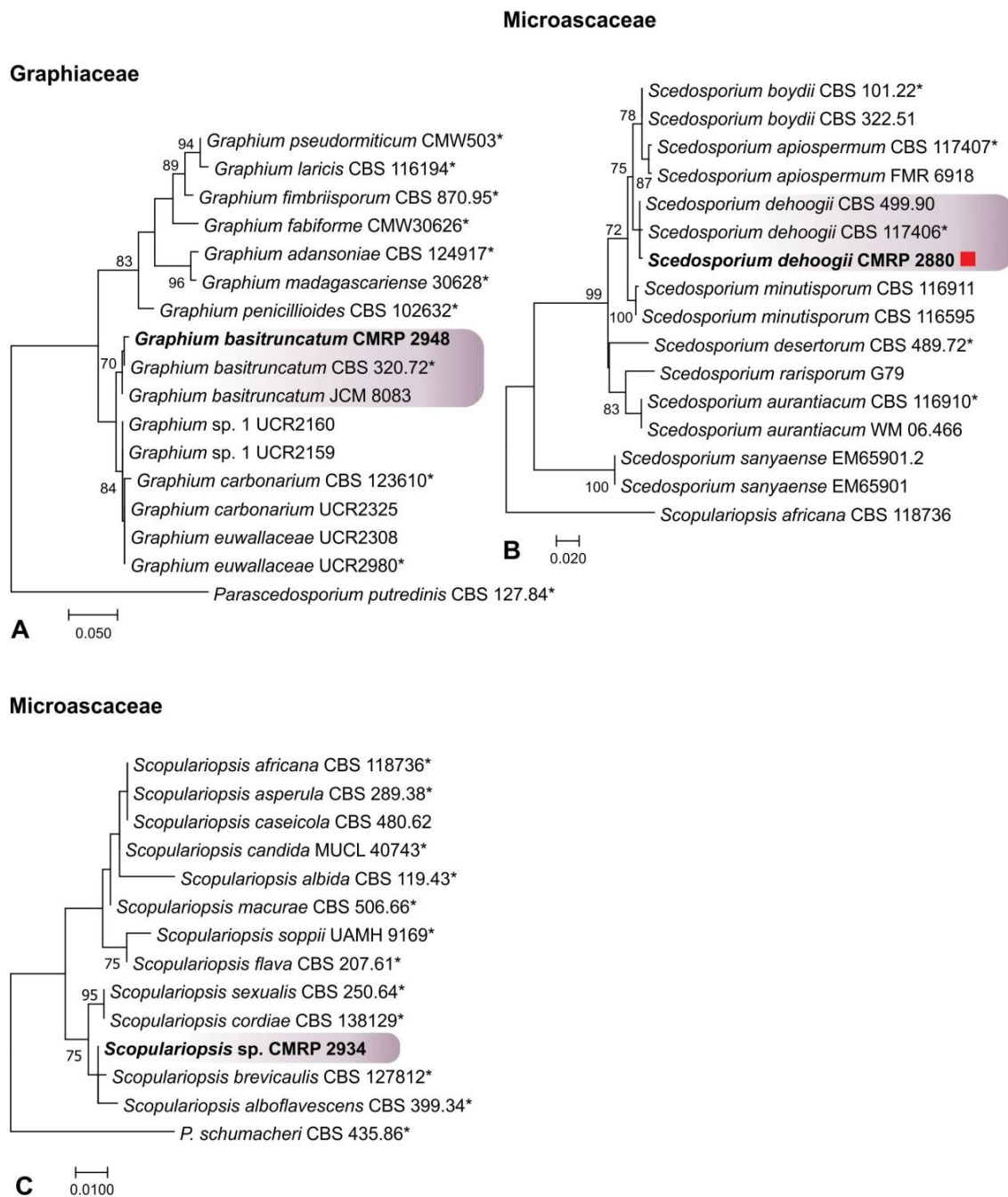


B 0.020

Árvore filogenética da ordem Hypocreales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Stachybotryaceae, gênero *Albifimbria*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e fator de alongamento (TEF-1 α) do rDNA. Outgroup *Dimorphiseta terrestris*. **(B)** Ordem indefinida, Família indefinida, gênero *Xylomelasma*, utilizando o modelo Tamura-Nei baseadas nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e subunidade maior do ribossomo 18S (LSU) do rDNA. Outgroup *Diatrype disciformis*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 16 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM MICROASCALES

Microascales

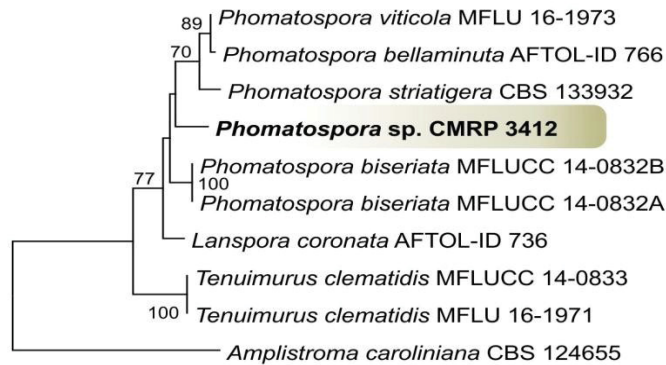


Árvore filogenética da ordem Microascales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Graphiaceae, gênero *Graphium*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Parascedosporium putredinis*. **(B)** Família Microascaceae, gênero *Scedosporium*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Scopulariopsis africana*; **(C)** Gênero *Scopulariopsis*, utilizando o modelo Jukes-Cantor baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Pseudoscopulariopsis schumacheri*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 17 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM PHOMATOSPORALES E SORDARIALES

Phomatosporales

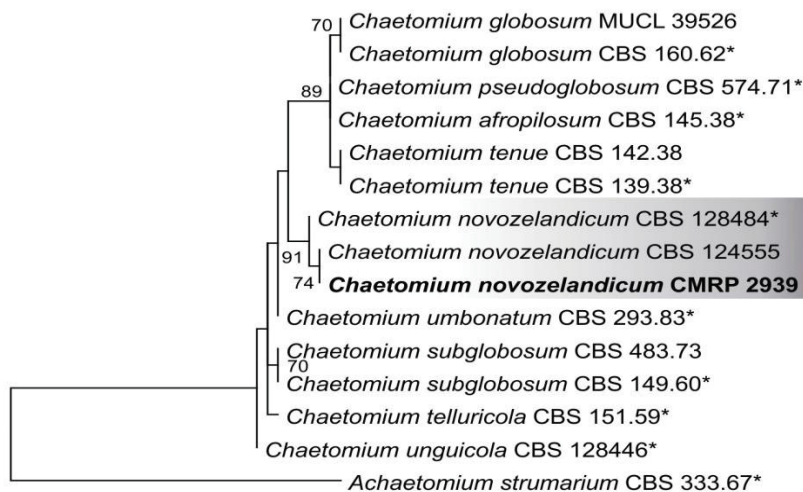
Phomatosporaceae



A 0.020

Sordariales

Chaetomiaceae



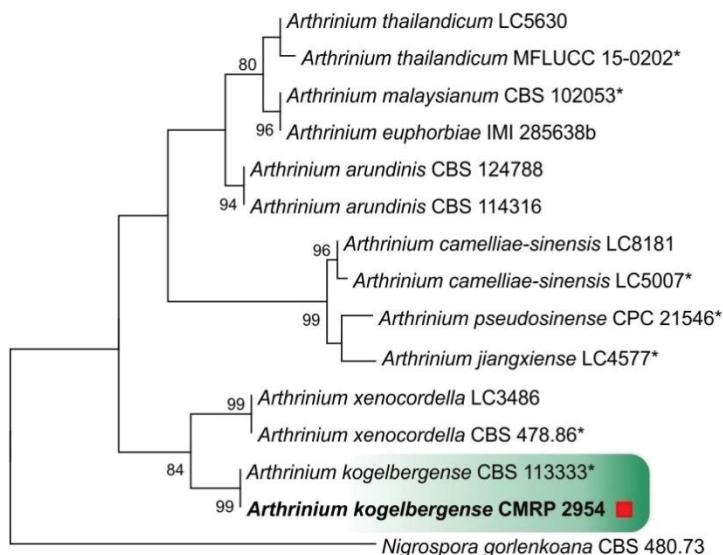
B 0.0100

Árvore filogenética da ordem Phomatosporales e Sordariales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Phomatosporaceae, gênero *Phomatospora*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e subunidade maior do ribossomo 18S (LSU) do rDNA. Outgroup *Amplistroma caroliniana*. **(B)** Família Chaetomiaceae, gênero *Chaetomium*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2e β -tubulina (β -tub) do rDNA. Outgroup *Achaetomium strumarium*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 18 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM XYLARIALES 1

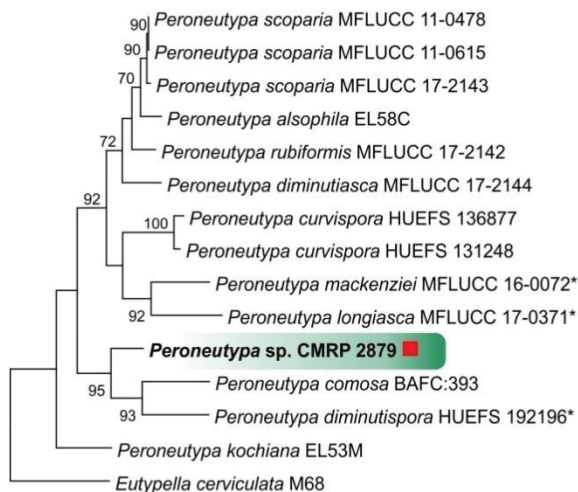
Xylariales

Apiosporaceae



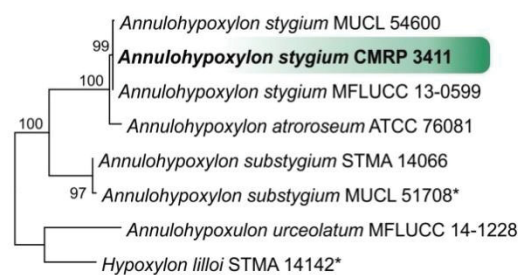
A 0.020

Diatrypaceae



B 0.020

Hypoxylaceae

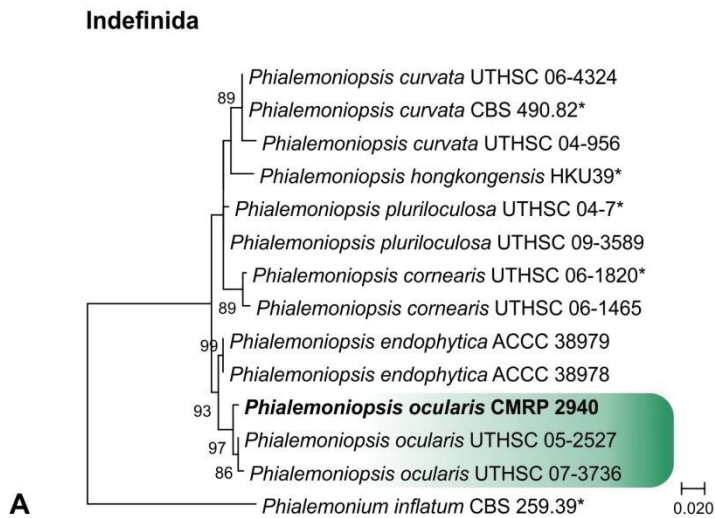


C 0.020

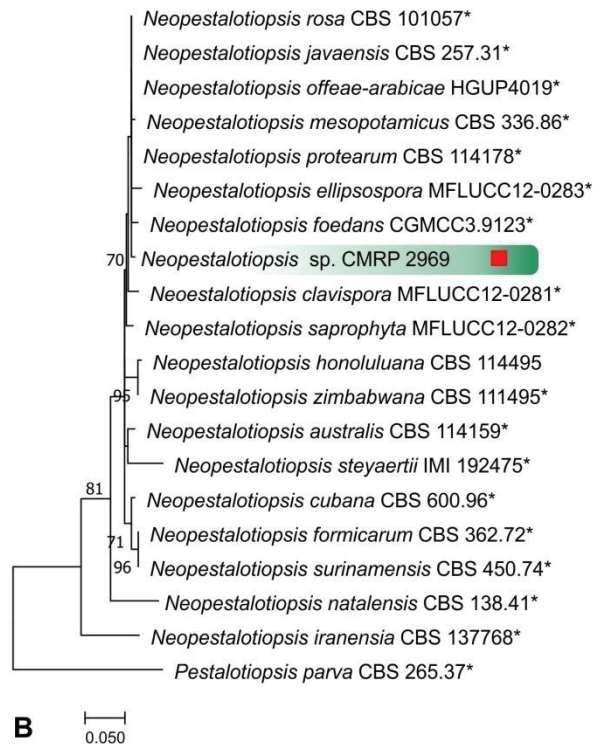
Árvore filogenética da ordem Xylariales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. (A) Família Apiosporaceae, gênero *Arthrinium*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Nigrospora gortlenkoana*. (B) Família Diatrypaceae, gênero *Peroneutypa*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Eutypella cerviculata*. (C) Família Hypoxylaceae, gênero *Annulohypoxyylon*, utilizando o modelo Kimura-2-parametros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Hypoxyylon lilloi*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

APÊNDICE 19 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM XYLARIALES 2

Xylariales



Sporocadaceae

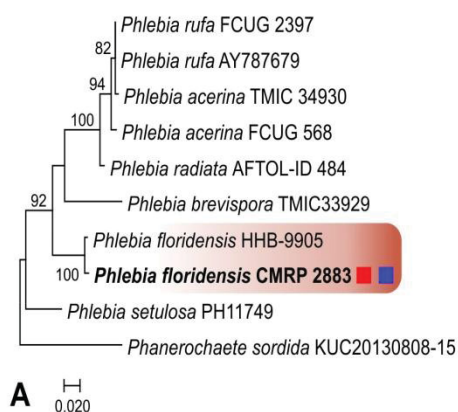


Árvore filogenética da ordem Xylariales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família indefinida, gênero *Phialemoniopsis*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Phialemonium inflatum*. **(B)** gênero *Neopestalotiopsis*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região do fator de alongamento (TEF-1 α) do rDNA. Outgroup *Pestalotiopsis parva*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.

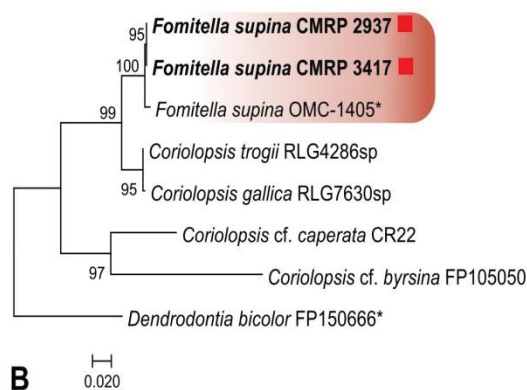
APÊNDICE 20 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM POLYPORALES

Polyporales

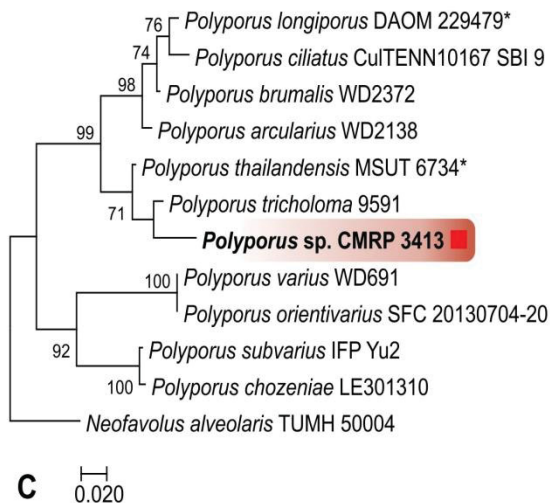
Meruliaceae



Polyporaceae



Polyporaceae

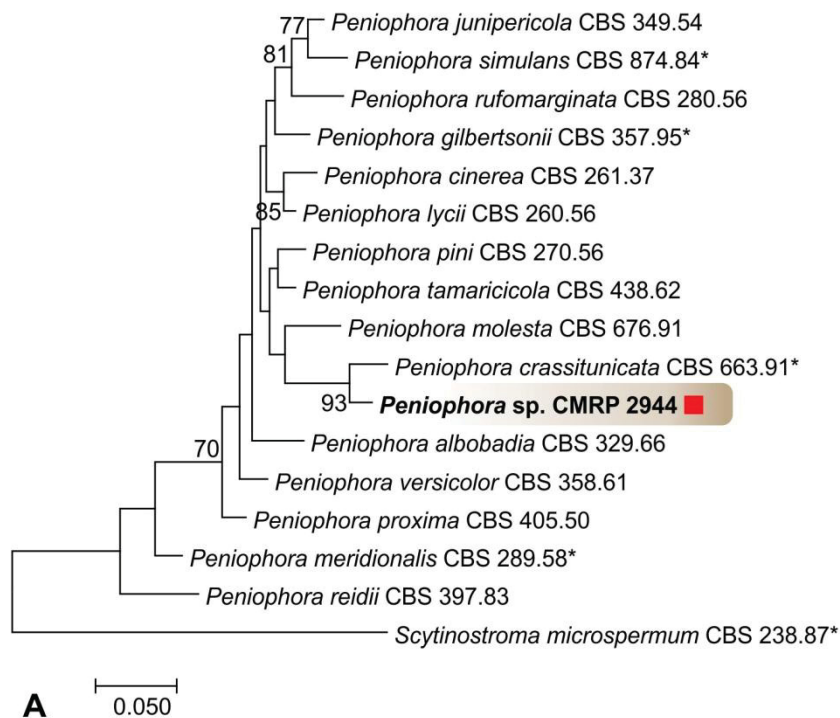


Árvore filogenética da ordem Polyporales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Mureliaceae, gênero *Phlebia*, utilizando o modelo Tamura-3-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Phanerochaete sordida*; **(B)** Família Polyporaceae, gênero *Fomitella* utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Dendrodontia bicolor*; **(C)** Gênero *Polyporus*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 e subunidade maior do ribossomo 18S (LSU) do rDNA. Outgroup *Neofavolus alveolaris*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva e azul indica peroxidase positiva.

APÊNDICE 21 – ÁRVORE FILOGENÉTICA ORDEM RUSSULALES

Russulales

Peniophoraceae



Árvore filogenética da ordem Russulales construída com base na análise de Máxima Verossimilhança no MEGA7. Bootstraps calculados a partir de 1000 replicatas. **(A)** Família Peniophoraceae, gênero *Peniophora*, utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros baseado nas sequências da região ITS1-5,8S-ITS2 do rDNA. Outgroup *Scytinostroma microspermum*. Quadrado vermelho indica linhagem lacase positiva.