



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA CENTRO DE CIÊNCIAS
BIOLÓGICAS PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS,
ALGAS E PLANTAS

IOLLY BARBARA DOS SANTOS MESQUITA

**Estudo do complexo *Phylloporia pectinata* (Klotzsch) Ryvarden para a Mata Atlântica,
Brasil**

Florianópolis, Santa Catarina

2024

Iolly Barbara dos Santos Mesquita

**Estudo do complexo *Phylloporia pectinata* (Klotzsch) Ryvar den para a Mata Atlântica,
Brasil**

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas da Universidade Federal de Santa Catarina para a obtenção do Grau de Mestre em Biologia de Fungos, Algas e Plantas.

Orientador: Prof. Dr. Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos

Coorientador: Dr. Genivaldo Alves da Silva

Florianópolis, Santa Catarina

2024

Ficha catalográfica gerada por meio de sistema automatizado gerenciado pela BU/UFSC.
Dados inseridos pelo próprio autor.

Santos-Mesquita, Iolly Barbara
Estudo do complexo *Phylloporia pectinata* (Klotzsch)
Ryvarde para a Mata Atlântica, Brasil / Iolly Barbara
Santos-Mesquita ; orientador, Elisandro Ricardo Drechsler
Santos, coorientador, Genivaldo Alves-Silva, 2024.
63 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós
Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas,
Florianópolis, 2024.

Inclui referências.

1. Biologia de Fungos, Algas e Plantas. 2. Complexos de
espécies. 3. Filogenia multilocus. 4. *Phylloporia*. 5.
Taxonomia integrativa. I. Drechsler-Santos, Elisandro
Ricardo . II. Alves-Silva, Genivaldo. III. Universidade
Federal de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em
Biologia de Fungos, Algas e Plantas. IV. Título.

Iolly Barbara dos Santos Mesquita

Estudo do complexo *Phylloporia pectinata* (Klotzsch) Ryvar den para a Mata Atlântica, Brasil

O presente trabalho em nível de Mestrado foi avaliado e aprovado, em 09 de maio de 2024, pela banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Prof. Genivaldo Alves da Silva, Dr.
Universidade Federal de Santa Catarina

Prof. Rafael Trevisan, Dr.
Universidade Federal de Santa Catarina

Valéria Ferreira Lopes, Dr.(a)
Universidad Nacional de Córdoba

Prof. Mateus Arduvino Reck, Dr.
Universidade Federal do Paraná

Certificamos que esta é a versão original e final do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de Mestra atribuído pelo Programa de Pós-Graduação Biologia de Fungos, Algas e Plantas

Prof. Ana Claudia Rodrigues, Dr. (a)
Coordenação do Programa de Pós-Graduação

Prof. Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos, Dr.
Orientador(a)

Florianópolis, 2024.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, gostaria de agradecer a mim mesma por acreditar nos meus sonhos e por ter a coragem de seguir do norte ao sul em busca do estudo dos fungos, mesmo estando longe da minha família, amigos e pets. Realmente, não foi fácil.

Em seguida, quero expressar minha gratidão à minha mãe, Ilmar Santos, que sempre me apoiou desde os primeiros passos na jornada acadêmica até os dias atuais. Seu apoio foi fundamental em todos os momentos.

Um agradecimento especial a todos os professores do programa da pós, sempre tão gentis. E um agradecimento ainda mais especial aos meus orientadores e professores, Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos e Genivaldo Alves da Silva, por todo o apoio, paciência e ensinamentos valiosos ao longo desses anos. Vocês foram incríveis.

Também não posso deixar de mencionar a Dra. Valeria Ferreira Lopes, que avaliou meu projeto e esteve sempre acompanhando meu trabalho de perto, tornando-se uma amiga.

Aos meus amigos de longa data, que sempre me enviaram mensagens de apoio, muito obrigada pelo carinho: Ana Helena, Clara Heloisa, Jaqueline Costa, Adrya Nicolle, Maricelio Souza, Marcela Mercês e Nayara Pontes.

Aos queridos amigos que encontrei em Florianópolis, que estiveram ao meu lado nos momentos mais desafiadores, agradeço do fundo do coração: Andreza Lima, Thais Marques, Eduarda Esteves, Letícia Mendonça e Eloisa Leopoldo (me abraçava nos momentos de crise, mesmo contra minha vontade, e foi minha parceira no estudo de *Phylloporia*, guardarei com carinho nossas conversas de madrugada sobre o assunto).

Aos amigos do Micolab e Mind.Funga, pelas melhores conversas durante o café e as idas ao RU, amo cada um de vocês: Felipe Bittencourt, Marcela Monteiro, Marcel Comin, Rodrigo Vilela, Denyse Guimarães, Rayssa, Edilene, Eduarda (Duda), Marivane e João Ernzen.

E um agradecimento aos amigos que ingressaram comigo no mestrado: Giovany Teston, Luan Valentini, William Oliveira e Caleb Borges.

E, por fim, agradeço a todos os pesquisadores que conheci ao longo da minha jornada na micologia, que se tornaram grandes amigos: Fernando Scatola, Mateus Cruz, Fernando Bertazzo, Suzana Ferreira e Rafaela Saraiva.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho, meu sincero obrigado por fazerem parte desta jornada.

RESUMO

Phylloporia Murrill, um gênero de macrofungos de Hymenochaetaceae Donk, revela uma notável heterogeneidade morfológica. Esta diversidade se manifesta na produção de basidiomas, que variam de sazonais a perenes, apresentando hábitos que vão desde ressupinado até estipitado, além de contextos que podem ser homogêneos ou duplos. Seus basidiósporos, de 2,5 a 6 µm de comprimento, são amarelados, negativos em Melzer, e seu sistema hifal é monodimítico. Historicamente, a identificação das espécies deste grupo se baseou na análise morfológica, resultando em complexos morfológicos de espécies. Um exemplo é *P. pectinata sensu lato*, caracterizado por basidiomas densos, com tomento compactado a duro, sulcado e sistema hifal dimítico. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo investigar espécimes do Brasil previamente identificados como *Phylloporia pectinata*, adotando uma abordagem integrativa que combina dados morfológicos e ecológicos e reconstruções filogenéticas moleculares. As coletas foram concentradas na Mata Atlântica, em áreas que apresentam alta biodiversidade, mas que enfrentam ameaças como desmatamento e turismo acelerado. Foram revisados morfológicamente um total de 29 espécimes e destes, 11 foram utilizados para análise molecular, dos quais foram obtidas 37 sequências (11 para nLSU, nove ITS, oito TEF1- α e nove RPB2). As análises filogenéticas moleculares confirmaram todos os espécimes testados no gênero *Phylloporia*, em quatro clados independentes e distintos de linhagens existentes com dados moleculares disponíveis. A partir da filogenia global de *Phylloporia* apresentada aqui, os morfogrupos foram recuperados como não monofiléticos, em linhagens de distribuição geográfica restrita e apresentando preferência por hospedeiros específicos. Diante dos resultados, do padrão observado e tendo em vista que *P. pectinata* tem como localidade do tipo, a Índia, não é possível confirmar que *P. pectinata sensu stricto* ocorra no Brasil. Através desta análise integrativa, são reconhecidas como novas espécies: *P. imbricata* ad int., *P. perdurans* ad int. e *P. quiinicola* ad int., além da combinação nova, *P. lilliputiana* ad int. confirmado como espécie válida para o gênero e epitipificado. Todas essas espécies, embora apresentem morfologia similar ao conceito tradicional de *P. pectinata*, são distintas pela consistência do tomento que pode variar de aveludado, áspero e compactado, quantidade de poros por mm, forma dos basidiósporos e reações diferentes ao azul de algodão e Hidróxido de potássio (KOH). Concluindo, através deste trabalho, é possível inferir que *P. pectinata sensu stricto* tem distribuição mais restrita do que se postulava e que *P. pectinata sensu lato* é um complexo de espécies com conceito morfológico amplo, distribuído em diferentes regiões biogeográficas, representando potencialmente outras espécies a serem reveladas, ficando claro a importância de revisar os sinônimos heterotípicos relacionados a este táxon que possui distribuição mais ampla. Ademais, os resultados apresentados confirmam o clado *Phylloporia* como um grupo monofilético, apesar da heterogeneidade morfológica, contribuindo com o conhecimento da diversidade do gênero no Brasil, e na Mata Atlântica, além de atualizar sua reconstrução filogenética.

Palavras-Chave: Complexos de espécies; Filogenia multilocus; *Phylloporia*; Taxonomia integrativa.

ABSTRACT

Phylloporia Murrill, a genus of macrofungi in the Hymenochaetaceae Donk, reveals remarkable morphological heterogeneity. This diversity is observed in the production of basidiomata, ranging from seasonal to perennial, from resupinate to stipitate, as well as the contexts that can be homogeneous or duplex. The basidiospores, measuring 2.5 to 6 μm in length, are yellowish, negative in Melzer's reagent, and the hyphal system is monodimitic. Historically, species identification in this group has been based on morphological analysis, resulting in morphological species complexes. An example is *P. pectinata sensu lato*, characterized by dense basidiomata with compacted to hard tomentum, grooved, and a dimitic hyphal system. In this context, the present study aimed to investigate specimens from Brazil previously identified as *P. pectinata*, adopting an integrative approach that combines morphological and ecological data with molecular phylogenetic reconstructions. The collections were concentrated in the Atlantic Forest, in areas of high biodiversity that face threats such as deforestation and accelerated tourism. A total of 29 specimens were morphologically reviewed, and 11 of these were used for molecular analysis, from which 37 sequences were obtained (11 for nLSU, nine ITS, eight TEF1- α , and nine RPB2). Molecular phylogenetic analyses confirmed all specimens tested in *Phylloporia*, in four independent and distinct clades of existing lineages with available molecular data. From the global phylogeny of *Phylloporia* presented here, the morphogroups were recovered as non-monophyletic, in lineages of restricted geographical distribution and showing preference for specific hosts. Given the results and the observed pattern, considering that *P. pectinata*'s type locality is India, it is not possible to confirm that *P. pectinata sensu stricto* occurs in Brazil. Through this integrative analysis, the following new species are recognized: *P. imbricata* ad int., *P. perdurans* ad int., and *P. quiinicola* ad int., as well as the new combination, *P. lilliputiana* ad int. confirmed as a valid species for the genus and epitypified. All of these species, although they present similar morphology to the traditional concept of *P. pectinata*, are distinct by having velvety to rough and compacted tomentum, the quantity of pores per mm, the shape of the basidiospores, and different reactions to cotton blue and Potassium hydroxide (KOH). In conclusion, through this work, it is possible to infer that *P. pectinata sensu stricto* has a more restricted distribution than previously postulated and that *P. pectinata sensu lato* is a complex of species with a broad morphological concept, distributed in different biogeographic regions, potentially representing other species to be revealed, making clear the importance of reviewing the heterotypic synonyms related to this taxon that has a wider distribution. Furthermore, the results presented confirm the *Phylloporia* clade as a monophyletic group, despite morphological heterogeneity, contributing to the knowledge of the diversity of the genus in Brazil and the Atlantic Forest, in addition to updating its phylogenetic reconstruction.

Keywords: Species complexes; Multilocus phylogeny; *Phylloporia*; Integrative taxonomy.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Mapa do Brasil destacando os biomas, as localidades de coleta dos espécimes e os herbários consultados. 17
- Figura 2 - Reconstrução filogenética multiloci (nLSU, ITS, TEF1- α e RPB2) do gênero *Phylloporia*. A topologia é da Inferência Bayesiana. Os valores de sustentação do Bootstrap (antes dos marcadores de barra) e Probabilidade Bayesiana Posterior (depois dos marcado de barra) são indicados próximo aos nós dos ramos. Apenas os valores de sustentação acima de 70% de bootstrap (BP) e de 0,95 para Probabilidade Bayesiana posterior (PBP) são indicados nos ramos. Nomes em negrito são as sequências oriundas deste trabalho 21
- Figura 3 - Reconstrução filogenética de membros do gênero *Phylloporia* inferidos a partir do marcador nLSU. A topologia é da análise de máxima verossimilhança. Só os valores de sustentação do Bootstrap são indicados. Os valores de sustentação abaixo de 70% bootstrap não são indicados nos ramos. Nomes em negrito são sequências oriundas deste trabalho. 24
- Figura 4 - Superfície superior (a, c, e, g); Himenóforo (b, d, f, h). Basidiomas de *Phylloporia imbricata* ad int. (a, b); *Phylloporia lilliputiana* ad int. (c, d); *Phylloporia perdurans* ad int. (e, f); *Phylloporia quiniicola* ad int. (g, h) Barras de escala: a – h = 1 cm. 29
- Figura 5 - Estruturas Microscópicas de *P. imbricata* ad int. a. Hifas do tomento; b. hifas generativas gerando as hifas de suportes nos tubos; c. Hifa de suporte mostrando a parede espessada; d. Basídio; e. Esporos em água; f. Esporos em KOH; g. Esporos em melzer; h. Esporos em CB. Barra de escala: a – h = 10 μ m. 30
- Figura 6 - Estruturas Microscópicas de *P. lilliputiana* ad int. a - b. Hifas do tomento; c. hifas dos tubos em NaOH d. hifas do contexto em NaOH; e. Basidio; f. cistíolos e basidiolos; g. Esporos em água; h. Esporos em KOH; i. Esporos em melzer; j. Esporos em CB. Barra de escala: a – j = 10 μ m. 33
- Figura 7 - Estruturas Microscópicas de *P. perdurans* ad int. a. Hifas do tomento; b. Hifas do contexto; c. Esporos em água; d. Esporos em KOH; e. Esporos em melzer; f. Esporos em CB. Barra de escala: a – f = 10 μ m. 35
- Figura 8 - Estruturas Microscópicas de *P. quiniicola* ad int a. Hifas do tomento; b. Hifas do tubo; c. Hifas do contexto; d. Basídio; e. Esporos em melzer; f. Esporos em CB. Barra de escala: a – f = 10 μ m. 38

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Espécimes revisados de <i>Phylloporia</i> , incluindo informações sobre o voucher, localidade de coleta e substratos onde os espécimes foram encontrados	26
Tabela 2 - Caracteres morfológicos comparativos entre <i>P. pectinata</i> sensu Wagner e Ryvar den, <i>P. pectinata</i> s.s (Ferreira-Lopes, 2018) e as espécies novas e seus respectivos hospedeiros	39

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
1.1. INTRODUÇÃO GERAL	11
1.2. COMPLEXOS EM <i>PHYLLOPORIA</i> MURRIL E <i>PHYLLOPORIA PECTINATA</i> (KLOTZSCH) RYVARDEN	13
2. HIPÓTESES	15
3. OBJETIVOS	16
3.1. OBJETIVO GERAL	16
3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	16
4. MATERIAL E MÉTODOS	17
4.1. ÁREA DE ESTUDO, COLETAS E ANÁLISES MORFOLÓGICAS	17
4.2. ANÁLISES MOLECULARES	18
4.2.1. Extração, amplificação e sequenciamento	18
4.2.2 Edição, alinhamento de sequências e reconstruções filogenéticas	19
5. RESULTADOS	19
5.1 ANÁLISES FILOGENÉTICAS MOLECULARES	19
5.2. ANÁLISES MORFOLÓGICAS	26
5.2.1. Taxonomia	27
6. DISCUSSÃO	39
7. CONCLUSÃO.....	41
REFERÊNCIAS	42
APÊNDICE A - Bloco com as configurações para análise de inferência bayesiana	50
APÊNDICE B - Lista de espécies, localidade de origem, acessos aos números de sequências do genbank e informação dos hospedeiros conhecido	51
ANEXO A - Protocolo otimizado para amplificar as regiões abaixo com DNA extraído de <i>Phylloporia</i>, Hymenochaetaceae (extraído do basidioma)	63

1. INTRODUÇÃO

1.1. INTRODUÇÃO GERAL

Desde os primórdios da humanidade, o ser humano tenta conhecer e compreender seu entorno e os fenômenos naturais que o afetam direta e indiretamente. A sistemática filogenética se desenvolveu através da busca pela compreensão dos processos evolutivos que resultaram na diversidade biológica atual, integrando estudos ecológicos, morfológicos e moleculares. Dentre os grupos mais diversos e menos estudados, o Reino Fungi apresenta cerca de 150 mil espécies conhecidas, porém, sua diversidade é estimada entre 2,2 a 3,8 milhões de espécies (Hawksworth & Lucking, 2017). Seu papel é inegável em grande parte dos processos biogeoquímicos que ocorrem no planeta, bem como sua interação com a maioria dos outros grupos da biosfera (Antonelli et al., 2020).

Esse reino, compreende, entre outros, os fungos causadores de podridão branca, que são capazes de decompor totalmente a lignina, molécula altamente recalcitrante (Hibbett et al., 2014). Evidências fósseis e moleculares demonstram que a diferenciação dos fungos causadores de podridão branca coincidiu com o final do período Carbonífero, há aproximadamente 300 milhões de anos (Floudas et al., 2012). É seguro assumir que a capacidade de decompor madeira teve um papel fundamental na formação dos principais biomas atuais e inclusive, na composição da atmosfera terrestre, uma vez que sem a decomposição completa da lignina, o carbono captado pelas plantas permaneceria, em grande parte, acumulado em forma de grandes blocos de carvão mineral encobrendo o solo, abrindo clareiras e potencialmente desertificando grandes áreas (Boddy, 2016).

A capacidade de decompor lignina, bem como celulose e hemicelulose, evoluiu múltiplas vezes dentro do Reino Fungi, resultando em diversas linhagens não diretamente relacionadas entre si (Hibbett et al., 2014). A ordem Hymenochaetales Oberw. é representante dos fungos causadores de podridão branca, uma vez que esse estado de caráter se apresenta persistentemente na maioria de seus integrantes (Wagner & Fischer, 2001; Larsson et al., 2006). Sua família tipo, Hymenochaetaceae Donk, é caracterizada pela coloração castanho-amarronzada dos basidiomas e pela reação xantocroica, que ocorre quando há contato com hidróxido de potássio (KOH), ocasionando o escurecimento permanente das hifas. Espécies classificadas em Hymenochaetaceae apresentam morfologia variada, desenvolvendo basidiomas ressupinados, pileados a estipitados. Dentre os caracteres microscópicos

observados, podem ocorrer a presença de setas himeniais e/ou tramais, e os basidiósporos variam de hialinos a amarelados ou castanhos, além de apresentarem sistema hifal variando entre monomítico, dimítico e intermediário (Teixeira, 1989; Wagner & Fischer, 2001; Ryvardeen, 2004; Cannon & Kirk, 2007; Larsson et al., 2006).

Dentre os gêneros da família, está *Phylloporia* Murril, que se mostra altamente heterogêneo do ponto de vista morfológico. Suas espécies podem produzir basidiomas sazonais a perenes, possuem hábito ressupinado a estipitado, contexto homogêneo a duplo, apresentando ou não uma linha negra, e basidiósporos amarelados, com paredes ligeiramente espessas, variando de subglobosos a cilíndricos, frequentemente assimétricos, com 2,5 a 6 μm de comprimento, sem reação no reagente de Melzer, sistema hifal monomítico a dimítico e geralmente com ausência de setas, exceto por *P. mori* Sheng H. Wu (Wagner & Ryvardeen, 2002; Ryvardeen, 2004; Zhou & Dai, 2012; Wu et al., 2020). Outra característica marcante das espécies de *Phylloporia* é o frequente hábito parasita (Murril, 1904; Zhou et al., 2022).

A sua espécie tipo, *Phylloporia parasitica* Murrill, é caracterizada por apresentar basidiomas ressupinados, parasitando folhas vivas de *Bignonia* L. A maioria das espécies atualmente descritas parece ter afinidade com hospedeiros específicos, enquanto que algumas outras foram registradas em diferentes hospedeiros, como *P. ephedrae* (Woron.) Parmasto, *P. flabelliforma* Decock & Yombiy., *P. inonotoides* Yombiy. & Decock e *P. ribis* (Schumach.) Ryvardeen (Wagner & Ryvardeen, 2002; Decock et al., 2015; Yombiyeni et al., 2015). Também há registros de duas espécies co-ocorrendo no mesmo hospedeiro: *P. mori* e *P. moricola* Sheng H. Wu (*Morus* sp.) (Wu et al., 2020; Wu et al., 2021).

Esse grupo altamente heterogêneo foi reafirmado como um grupo monofilético através de análise filogenética de nLSU rDNA por Wagner & Ryvardeen (2002) e trabalhos posteriores (Zhou & Dai, 2012; Gafforov et al., 2014; Decock et al., 2015). Não obstante, foi recuperado um clado irmão do core de *Phylloporia*, incluindo *P. dependens* Y.C. Dai que é filogeneticamente próxima a *P. mori*, *P. moricola* e *P. boldo* Rajchenb. & Pildain (Liu et al., 2015; Wu et al., 2020; 2021c), atualmente ainda incluso dentro da delimitação de *Phylloporia*. As reconstruções filogenéticas propostas atualmente se baseiam principalmente na região nuc-rLSU. No entanto, esse enfoque apresenta limitações, pois embora auxilie na delimitação das espécies, não oferece um suporte confiável para compreender as relações evolutivas entre elas. Isso se deve ao fato de que esse marcador é mais adequado para investigar relações supragenéricas (Raja et al., 2017). Portanto, é necessário incorporar o uso de outros marcadores, como o ITS, que foi formalmente proposto como código de barras de DNA para fungos, além

de marcadores codificadores de proteínas, como o TEF1- α e RPB2, para fortalecer os dados (Schoch et al., 2012; Raja et al., 2017).

Metade das espécies de *Phylloporia* conhecidas atualmente estão distribuídas pela Ásia, enquanto que a diversidade do gênero na região Neotropical se encontra amplamente subestimada. Atualmente, são conhecidas aproximadamente 80 espécies de *Phylloporia*, 41 destas originalmente descritas na Ásia (Index Fungorum, 2024; Wu et al., 2019a, 2020b, 2022d). Para a região Neotropical, são conhecidas 24 espécies no total, sendo que somente 7 têm o Brasil como localidade do tipo (*P. atlantica* Oliveira-Filho & Gibertoni, *P. capucina* (Mont.) Ryvardeen, *P. elegans* Ferreira-Lopes, Robledo & Drechsler-Santos, *P. minuta* Bittencourt & Drechsler-Santos, *P. montana* Oliveira-Filho & Gibertoni, *P. nodostipitata* Ferreira-Lopes & Drechsler-Santos e *P. solicola* Oliveira-Filho & Gibertoni). Apesar do progresso gradual no reconhecimento de novas espécies, muitas permanecem crípticas, ou seja, ocultas dentro de complexos de morfoespécies, limitando nosso entendimento da diversidade não apenas dentro do gênero *Phylloporia*, mas também no contexto dos fungos em geral (Hawksworth & Lücking, 2017).

1.2. COMPLEXOS EM *PHYLLOPORIA* MURRIL E *PHYLLOPORIA* PECTINATA (KLOTZSCH) RYVARDEN

Historicamente, dentro da família Hymenochaetaceae os gêneros mais conhecidos são *Phellinus* Quél. e *Inonotus* P. Karst. Como esses dois gêneros foram tradicionalmente delimitados pelo o seu sistema hifal (dimítico ou monomítico) e sazonalidade dos basidiomas (perene ou anual), muitos gêneros dentro da família que apresentam tais características foram sinonimizados ou em *Phellinus* (basidioma perene com sistema hifal dimítico) ou em *Inonotus* (basidioma anual e sistema hifal monomítico) (Drechsler-Santos et al., 2016). No entanto, esses agrupamentos com circunscrições amplas foram mais tarde considerados polifiléticos, dando origem aos grupos artificiais chamados de *Phellinus sensu lato* (s.l.) e *Inonotus s.l.* (Fiasson & Niemela, 1984; Wagner & Fischer, 2001). Esta situação ocorreu por conta das tentativas de organizar esses organismos em grupos hierárquicos e naturais, baseadas unicamente em caracteres morfológicos, o que não permite muitas vezes o reconhecimento adequado da delimitação das espécies (Haight et al., 2016; Salvador-Montoya et al., 2020).

Essa limitação das delimitações morfológicas se deve a dificuldade em estudar organismos complexos e modulares como fungos, tentando encontrar padrões perceptíveis ao olho humano em suas estruturas reprodutivas, que estão sujeitas às variações ambientais e

adaptação evolutiva ao nicho ecológico que ocupam (Krah et al., 2022). Por muitas décadas, os agrupamentos de táxons com base em diferentes padrões morfológicos era a única forma possível de sistematizar o Reino Fungi com a tecnologia vigente. Embora esses padrões persistam em vários gêneros dentro de Hymenochaetales (Drechsler-Santos et al., 2016), tais delimitações morfológicas parecem não fazer sentido dentro de *Phylloporia*.

As delimitações de espécie baseadas exclusivamente em caracteres morfológicos têm contribuído para a proliferação de complexos de espécies, sendo alguns deles já bem conhecidos e documentados. No gênero *Phylloporia*, Ferreira-Lopes (2018) apresenta seis complexos de espécies: *P. chrysites* sensu lato, *P. fruticum* sensu lato, *P. pectinata* sensu lato, *P. ribis* sensu lato, *C. stuckertiana* sensu lato e *P. spathulata* sensu lato. Todos eles apresentam uma distribuição geográfica ampla em relação às suas localidades de origem, e delimitação morfológica limitada a poucos caracteres, como por exemplo sazonalidade, hábito, presença de linha negra no contexto, estrutura hifal, quantidade de poros por milímetro e tamanho de basidiósporos.

Phylloporia pectinata (Klotzsch) Ryvar den, originalmente descrita como *Polyporus pectinatus* Klotzsch, com espécime coletado na Índia, é caracterizada por sua distribuição geográfica supostamente pantropical. De acordo com a circunscrição estabelecida por Wagner & Ryvar den (2002) e Ryvar den (2004), *P. pectinata* exibe características como basidiomas perenes, em forma de píleo semi-angulado e imbricado, com zonas sulcadas e tomento compactado. Sua margem é mais clara que o píleo, seus poros são redondos, 8–10/mm, e apresenta um contexto distintamente duplo, com uma linha preta fina, além de tubos estratificados. O sistema hifal é dimítico, e os basidiósporos são parcialmente colapsados, subglobosos, com paredes levemente espessadas, medindo $3-3,5(-4) \times 3 \mu\text{m}$.

A partir dessa circunscrição, há registros de *P. pectinata* em nove países ao redor do mundo, conforme evidenciado por bancos de dados. No Brasil, sua presença foi relatada em todas as regiões do país (Góes-Neto et al., 2000; Baltazar & Gibertoni, 2009; Gomes-Silva & Gibertoni, 2009). Além disso, *P. pectinata* apresenta seis sinônimos heterotípicos, incluindo *Polyporus xerampelinus* Kalchbr, cuja localidade é em Queensland, Austrália; *Polystictus substygius* Berk. & Broome ex Cooke, de Uganda; *Trametes lilliputiana* Speg, de São Paulo, Brasil; *Phaeoporus ferrugineus* Romell, do Mato Grosso, Brasil; *Polyporus bonianus* Pat, do Vietnã; e *Polyporus oroniger* Lloyd, de Filipinas.

Diante desse cenário, *T. lilliputiana* merece atenção especial por ser uma espécie encontrada no domínio fitogeográfico da Mata Atlântica. Seu lectótipo foi inicialmente considerado sinônimo de *Fomes pectinatus* (Klotzsch) Gillet e, posteriormente, Rajchenberg

em 1986 corrigiu como sinônimo de *Phellinus pectinatus* (Klotzsch) Quél., ambos sendo sinônimos homotípicos de *P. pectinata*. Spegazzini (1889) e Ferreira-Lopes (2018) caracterizam *T. lilliputiana* por apresentar basidioma perene, efuso-reflexo, concrecente a imbricado; píleo duro, semi-ungulado a dimidiado, concentricamente sulcado; superfície do píleo coberto por tomento levemente esponjoso, amarelo enferrujado; margem arredondada, himenóforo revivescente, 6–8 poros/mm; contexto heterogêneo, com superior esponjoso e inferior compactado separado por uma linha negra; sistema hifal dimítico intermediário, com hifas generativas de parede levemente grossa, com presença de septos verdadeiros e secundários no tomento, tubos e contexto; basidiósporos abundantes e colapsados, $(3,5-3,5-4,6(-5) \times (1,8-2,4-3,6(-4) \mu\text{m}$ (média = $4 \times 3 \mu\text{m}$).

Como ponto de partida para desvendar este complexo taxonômico, Ferreira-Lopes (2018) estabeleceu o conceito *sensu stricto* de *P. pectinata*, com base em análises morfológicas do isótipo coletado na Índia (KM 174174). A autora argumentou que a espécie deveria ser definida pela sua distribuição restrita a regiões geograficamente adjacentes. Portanto, investigar os espécimes brasileiros identificados como *P. pectinata* pode revelar espécies crípticas ainda não descritas, ao mesmo tempo em que é necessário confirmar a hipótese de que *P. pectinata s.s.* não ocorre no Brasil. Compartilhando a ideia de que *P. pectinata* não pode ser encontrada no Brasil, é importante notar que *T. lilliputiana*, que é um sinônimo de *P. pectinata*, também não pode ser encontrada na Índia, pois sua localidade tipo é predominante para a região neotropical.

2. HIPÓTESES

2.1. *PHYLLOPORIA PECTINATA S.S.* NÃO OCORRE NO BRASIL.

A literatura sugere que *Phylloporia* é um gênero de hábito principalmente parasita em hospedeiros vivos, e como parasita, suas diferentes linhagens filogenéticas parecem apresentar afinidade com hospedeiros específicos. Ademais, a maioria dos estudos taxonômicos compreensivos realizados no Brasil com espécimes previamente identificados como *P. pectinata*, tendem a diferenciar esses espécimes de *P. pectinata sensu stricto* e a revelar espécies inéditas.

2.2. *TRAMETES LILLIPUTIANA* SPEG. NÃO É UM SINÔNIMO DE *P. PECTINATA*.

Trametes lilliputiana apresenta delimitação morfológica própria, consistente com o gênero *Phylloporia* e distinta de *P. pectinata* s.s. As análises filogenéticas e ecológicas revelarão que *T. lilliputiana* é, em realidade, uma espécie de *Phylloporia*, e portanto, deve ser combinada como *P. lilliputiana* e re-delimitada.

2.3. SE *PHYLLOPORIA PECTINATA* NÃO OCORRE NO BRASIL, OS ESPÉCIMES COM MORFOLOGIA SIMILAR E ASSIM PREVIAMENTE IDENTIFICADOS, SE NÃO FOREM CONSPECÍFICOS COM *TRAMETES LILLIPUTIANA*, POTENCIALMENTE REPRESENTAM NOVAS ESPÉCIES.

Estudos vêm demonstrando que complexos de espécies, como *P. pectinata*, representam agrupamentos de linhagens biogeográficas correspondentes a espécies com morfologia similar e muitas vezes de difícil distinção ao utilizar apenas taxonomia clássica morfológica. Assim, dados moleculares e o reconhecimento de dados ecológicos (distribuição geográfica e relações com hospedeiros) irão proporcionar o melhor entendimento e reconhecimento de linhagens correspondentes às espécies novas.

3. OBJETIVOS

3.1. OBJETIVO GERAL

Estudar e dar tratamento taxonômico adequado a espécimes do Brasil previamente identificados morfológicamente como *Phylloporia pectinata* a partir de uma abordagem integrativa, com estudos morfológicos detalhados, filogenéticos e ecológicos (hospedeiros e distribuição geográfica).

3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Recoletar *Trametes lilliputiana* Speg. para realizar revisão taxonômica e análises filogenéticas moleculares para confirmar conspecificidade ou não com *P. pectinata*.
- Interpretar morfológicamente e filogeneticamente os espécimes coletados que correspondem ao conceito de *P. pectinata* s.l. no Brasil que venham a ser linhagens distintas de *Trametes lilliputiana*.

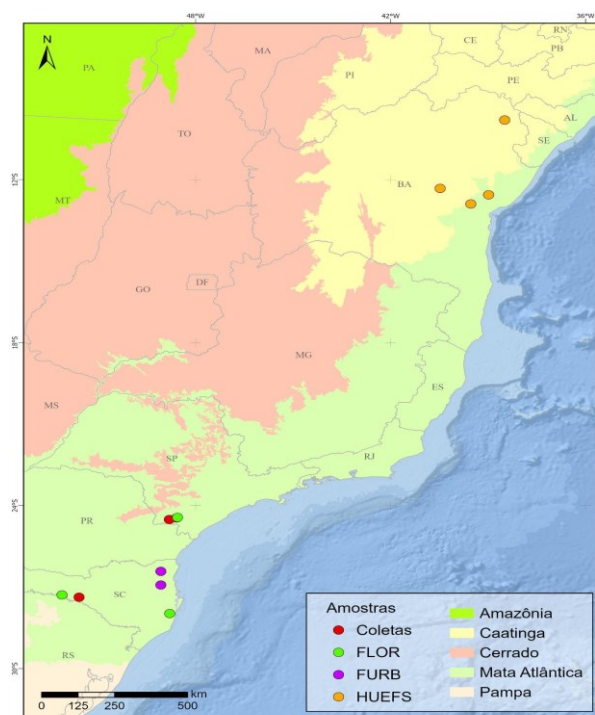
4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. ÁREA DE ESTUDO, COLETAS E ANÁLISES MORFOLÓGICAS

Foram realizadas expedições a campo no Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira (PETAR) e no Parque Natural Municipal Morro do Ouro, localizados nos municípios de Apiaí e Iporanga, respectivamente, no estado de São Paulo. Estas localidades foram escolhidas por serem próximas da localidade do espécime-tipo de *T. lilliputiana* (Apiaí/SP). Uma terceira expedição a campo foi realizada no município de Capinzal, no estado de Santa Catarina, em uma área de vegetação secundária.

Os espécimes foram fotografados e georreferenciados, fragmentos dos basidiomas foram envoltos por papel poroso e armazenados em sacos *ziplock* com sílica-gel azul ou em microtubos com tampão CTAB, a fim de preservar o DNA para estudos moleculares. Os espécimes de fungos coletados foram mantidos por 12 a 24h em estufa para desidratação (30° a 35° C). Após a descrição e identificação, os materiais foram depositados no Fungário FLOR da Universidade Federal de Santa Catarina. Foram analisados espécimes de coleções depositadas nos herbários FLOR, FURB e HUEFS (Thiers, continuamente atualizado) (Figura 1) (Tabela 1).

Figura 1 - Mapa do Brasil destacando os biomas, as localidades de coleta dos espécimes e os herbários consultados.



Os caracteres macromorfológicos que foram analisados dos espécimes estudados foram: hábito (sésil/efuso-reflexo), inserção no substrato, sazonalidade, dimensões do basidioma, superfície do píleo, superfície himenoforal (tamanho, forma, coloração e disposição dos poros e dissepimento), bem como os tubos (cor, estratificação e profundidade) e contexto (presença ou ausência de linhas; textura e coloração) (Teixeira, 1995; Ryvarden, 2004). A determinação das cores foi definida de acordo com a tabela de cores de solo Munsell (Color, 1975).

Para a microscopia, foram realizados cortes a mão livre dos basidiomas. Os cortes foram montados em lâminas e lamínulas de acordo com Teixeira (1995). Foi utilizado hidróxido de potássio (KOH 3%) para o observar reação xantocroica de esporos e hifas, reagente de Melzer (IKI) para observar a presença da reação dextrinoide ou amiloide nos basidiósporos e azul de algodão (CB) para observar reação cianófila. Dentre os caracteres microscópicos, foram observados o sistema hifal em melzer e NaOH (utilizado para dissecação das hifas para distinguir os tipos de hifas encontradas) para descrição foram utilizadas as classificações de Corner (1991) e Pegler (1996), baseado nos conceitos de Clemençon (2012).

A observação e mensuração das estruturas foram realizadas com ocular micrométrica e os valores foram tabulados em planilha do Microsoft Excel. Tanto para calcular a média, quanto a razão entre o comprimento e o diâmetro (diam.) dos basidiósporos (Q) e sua média. Foi calculado também a variação em 5% dos valores menores e maiores, e os valores menores e maiores de 100% dos valores; valores dados entre parênteses, quando pertinente. A fórmula utilizada será a de percentil [=PERCENTIL (matriz;k)], onde k = percentil, e a matriz corresponde às 40 medições, tanto de comprimento, quanto de diâmetro, calculados separadamente. Todas as medições foram feitas em reagente de Melzer.

4.2. ANÁLISES MOLECULARES

4.2.1. Extração, amplificação e sequenciamento

Para a extração do DNA total dos espécimes coletados durante o projeto e oriundos de coleções, foi utilizado o protocolo de Góes-Neto et al. (2005). Foram amplificadas através de reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) as regiões do DNA nuclear ribossomal: Subunidade maior nuclear do DNA ribossomal (nLSU) e o Espaçador transcrito interno de DNA ribossomal (ITS), que compreende o ITS1, 5.8S e ITS2, e o genes codificantes de proteínas: Subunidade 2 da RNA polimerase II dirigida por RNA (RPB2) e fator de alongação 1 α (TEF1- α), utilizando os seguintes pares de primers: LR0R/LR7 (Vilgalys & Hester, 1990;

Cubeta et al., 1991); ITS8F/ITS6R (Dentinger et al., 2010); fRPB2-5F/bRPB2-7.1R (Frøslev et al., 2005; Matheny, 2005) e EF1-983F/EF1-1567R (Stielow et al., 2015) (Anexo A). Após confirmação do sucesso da amplificação através do procedimento de eletroforese em agarose 1%, os produtos da PCR foram purificados com Polietilnoglícol (PEG) de acordo com o protocolo de Sambrook et al. (1989) e enviado para sequenciamento. O sequenciamento foi realizado pela Macrogen Inc., Seul, Coréia do Sul.

4.2.2 Edição, alinhamento de sequências e reconstruções filogenéticas

As sequências geradas foram corrigidas manualmente no programa Geneious v9. As sequências oriundas deste projeto, bem como as obtidas de bancos de dados (ex.: GenBank), foram alinhadas pelo software MAFFT v7 (Katoh & Standley, 2013), analisadas separadamente e também incluídas em uma única matriz multiloci pelos programas Aliview 3.0 (Larsson, 2014) e MEGA v7 (Kumar et al., 2016). O grupo externo foi escolhido conforme os gêneros representante de Hymenochaetaceae, que apresentavam dados dos quatro marcadores.

Para reconstrução filogenética foi utilizada a análise de Máxima Verossimilhança (MV), realizada no programa RAxML v.8.2.9 (Stamatakis, 2014) e Inferência Bayesiana (IB), realizada no programa Mr. Bayes v. 3.2.6 (Ronquist et al., 2012), ambos via plataforma CIPRES (Miller et al., 2011). Para realizar a inferência bayesiana, foram testados para cada partição modelos evolutivos a partir do Partition Finder (Apêndice A). Foram configuradas 100.000.000 de gerações MCMC (Monte Carlo Markov Chain) com duas corridas independentes, cada uma com quatro cadeias, sendo descartados 25% das árvores iniciais conforme *burn-in*, para gerar uniformidade no resultado. Posteriormente as duas corridas foram avaliadas pelo programa Tracer v.1.7 (Rambaut et al. 2018), que assegura o tamanho da amostragem através ESS >200 (effective sample size). A partir da análise de reconstrução filogenética, foi considerado suporte de bootstrap (BP) para os ramos igual ou maior que 70% para MV e 0,95 para Probabilidade Bayesiana Posterior (PBP) na inferência bayesiana. Para indicar consenso entre as duas árvores, sua congruência foi avaliada visualmente e configuradas manualmente.

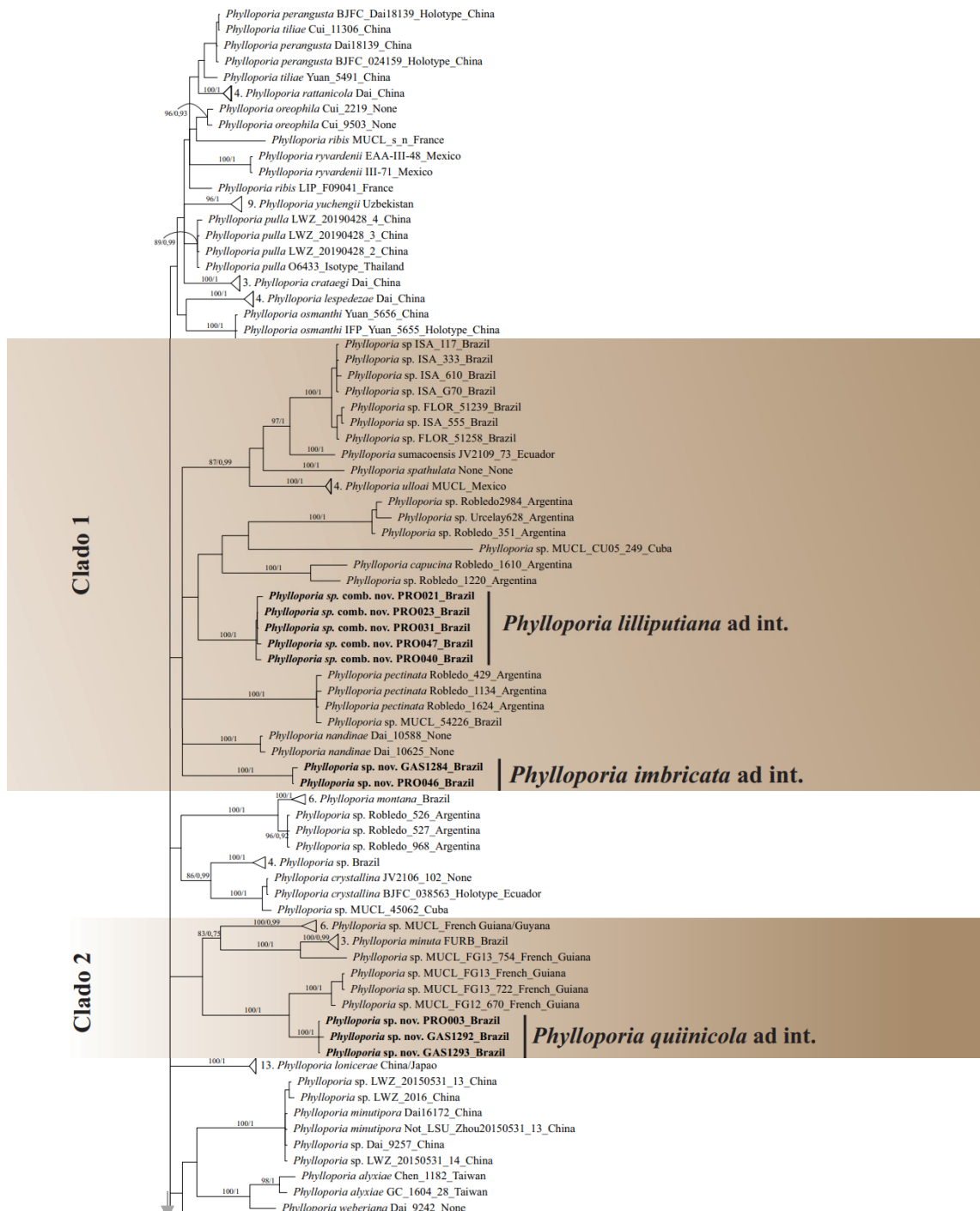
5. RESULTADOS

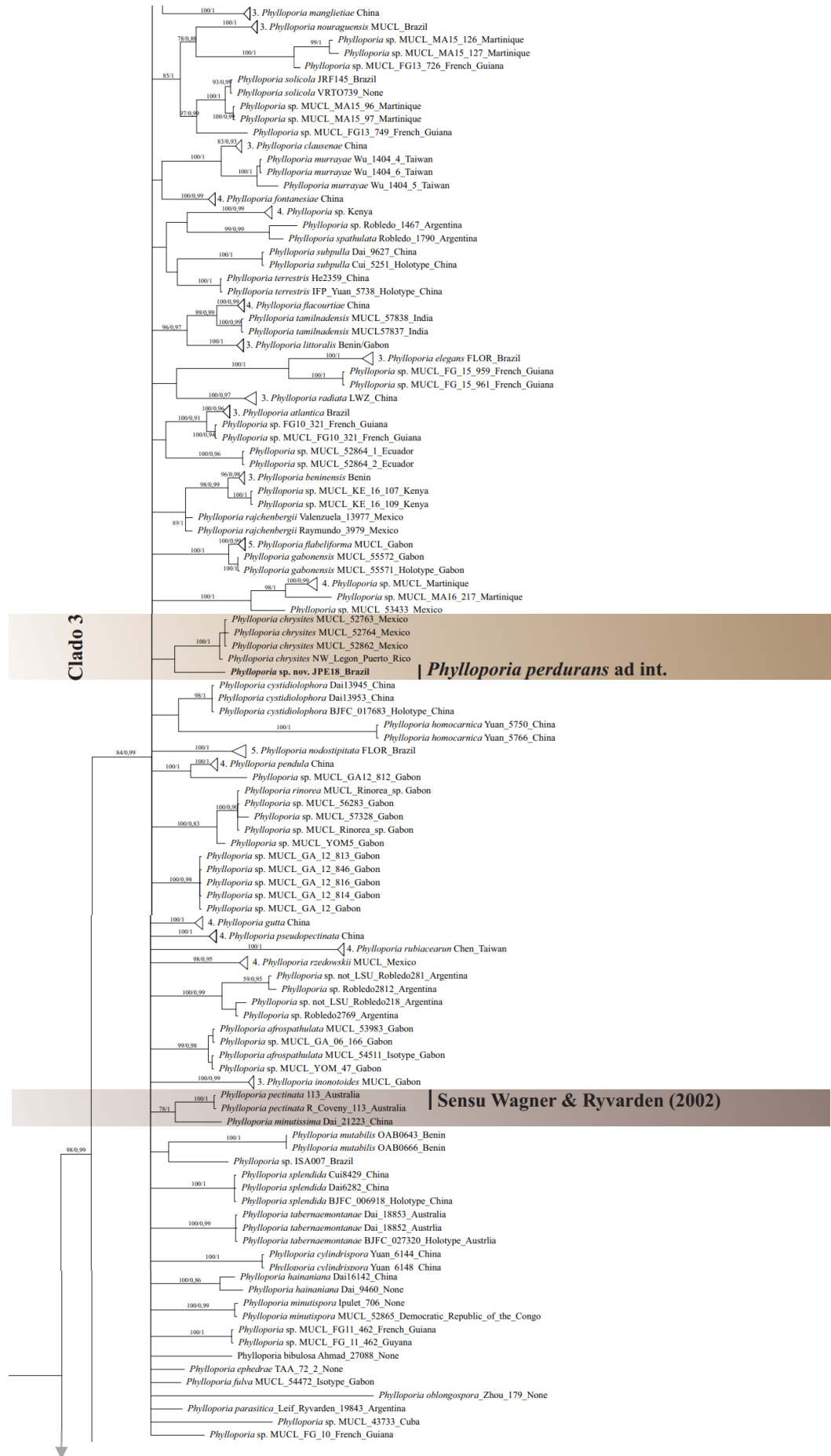
5.1 ANÁLISES FILOGENÉTICAS MOLECULARES

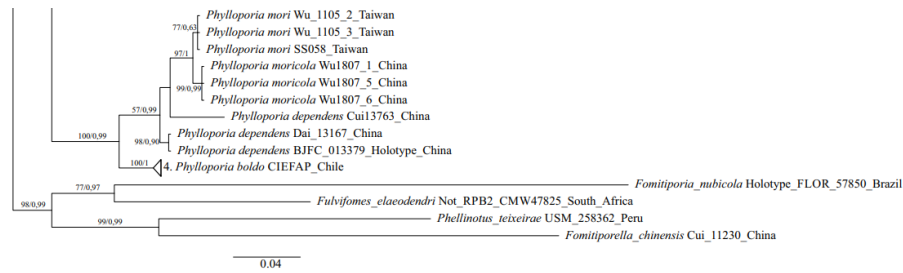
Para esse estudo, foram geradas 37 sequências novas, sendo 11 obtidas para região nLSU, nove para ITS, oito para TEF1- α e nove para RPB2. Para esse estudo foram geradas duas matrizes, uma análise combinada (nLSU, ITS, TEF1- α e RPB2) e uma outra só com nLSU. Para a reconstrução da árvore filogenética concatenada (Figura 2), foram utilizados dados do Genbank® (Apêndice B), que totalizam 302 sequências, o MV encontrou 1.789 padrões de alinhamentos distintos, que consistiam em 200 buscas de árvores independentes, testadas a partir de 1.000 inferências rápidas de bootstrap, sob o modelo GTRGAMM, que resultou em 13 partições (Apêndice A) com 861 pb de nLSU, 654 de ITS, 517 de TEF1- α e 738 de RPB2 que soma 2770 caracteres, sendo 1643 caracteres variáveis, 1269 caracteres parcimônia-informativos e 1127 conservados.

Dentre o conjunto de análises, foram realizadas análises de Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana. Apenas a topologia de IB é exibida, porém os valores de sustentação por Bootstrap (BP) são exibidos nos ramos. Os modelos evolutivos selecionados para o conjunto de dados foram LSU (GTR+I+G), ITS1 e 5.8S (TRN+I+G), ITS2 (HKY+G), TEF1 1° códon (TRN+G), TEF3 3° códon e TEF1 2° códon (K81+I), TEF3 1° códon, TEF1 3° códon, TEF2 3° códon (TVM+G), TEF-1 α íntrons (GTR+I+G), TEF2 1° códon, TEF3 2° códon (F81+I+G), TEF2 2° códon (JC+I), RPB2, 1° e 2° códon (GTR+I) e 3° códon (K80+G).

Figura 2 - Reconstrução filogenética multiloci (nLSU, ITS, TEF1- α e RPB2) do gênero *Phylloporia*. A topologia é da Inferência Bayesiana. Os valores de sustentação do Bootstrap (antes dos marcadores de barra) e Probabilidade Bayesiana Posterior (depois dos marcadores de barra) são indicados próximo aos nós dos ramos. Apenas os valores de sustentação acima de 70% de bootstrap (BP) e de 0,95 para Probabilidade Bayesiana posterior (PBP) são indicados nos ramos. Nomes em negrito são as seqüências oriundas deste trabalho



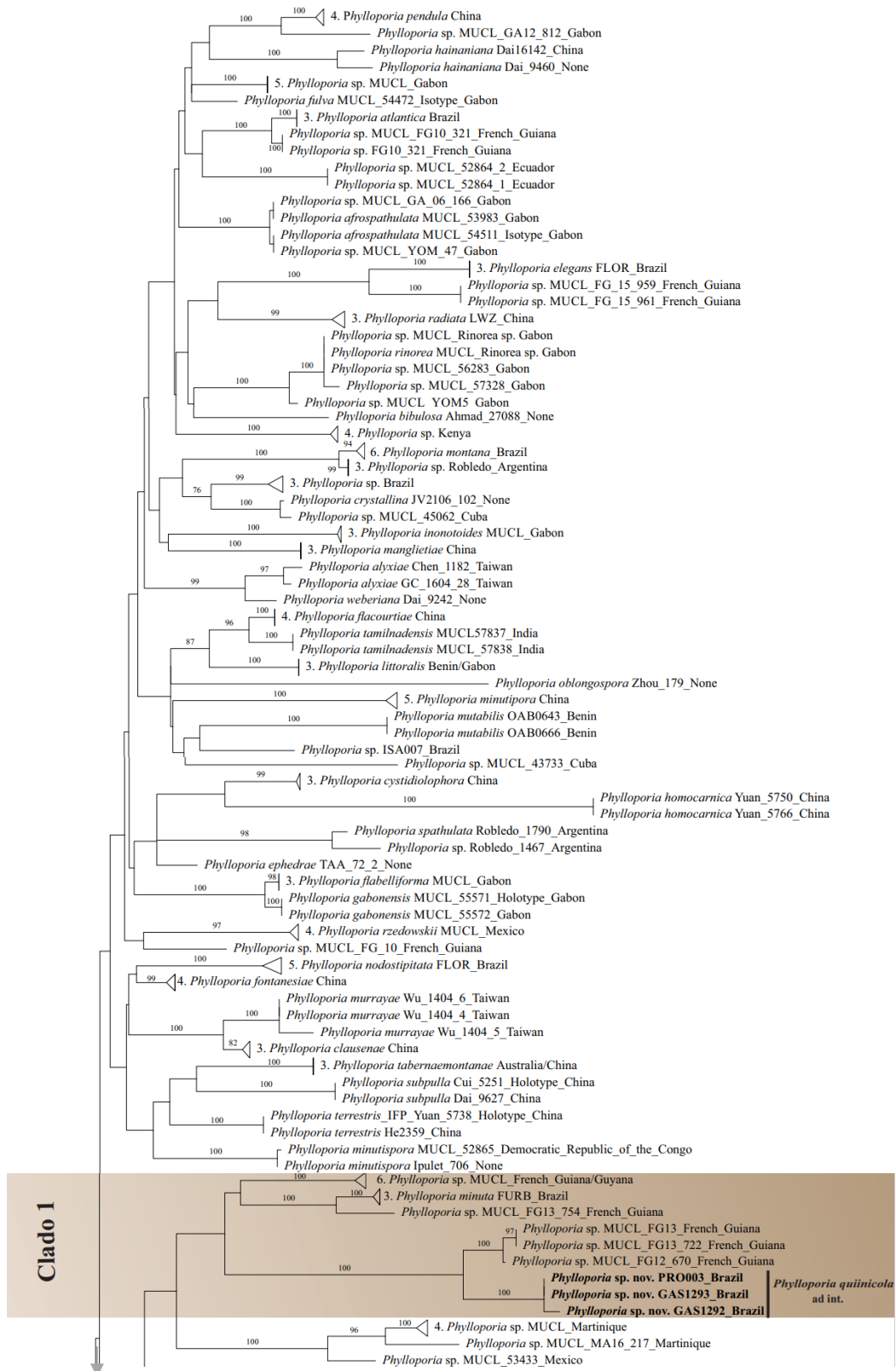


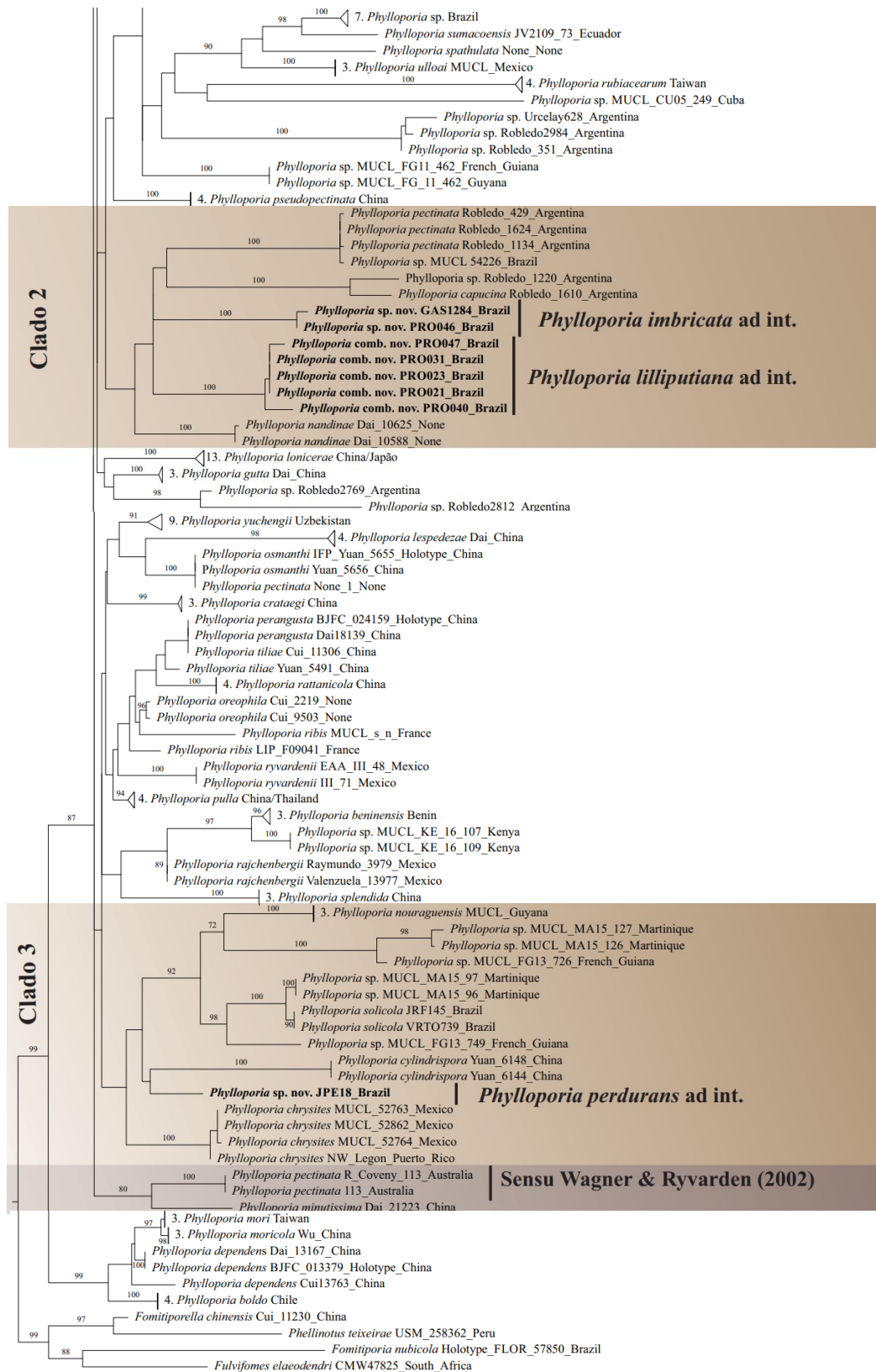


Nesta análise, o clado *Phylloporia* teve um alto suporte estatístico (BP=98 / PBP=0,99). Todas as três espécies novas e a combinação nova foram recuperadas como linhagens distintas de *P. pectinata* sensu Wagner & Ryvarden e de outras espécies morfológicamente similares. Essas espécies estão localizadas em três clados maiores, destacados na Figura 2 em marrom. No clado 1 (-/-) encontra-se *Phylloporia imbricata* ad int. e *P. lilliputiana* ad int. comb. nov., no clado 2 (-/-) *P. quiinicola* ad int. e no clado 3 (-/-), *P. perdurans* ad int. O clado 1 compreende quatro espécies não descritas, além de *P. sumacoensis*, *P. spathulata*, *P. ulloai*, *P. capucina*, que tem sua localidade tipo para Brasil, mas o espécime identificado por “Robledo 1610” é da Argentina, *P. lilliputiana* ad int., *P. pectinata* s.l., *P. nandinae* e *P. imbricata* ad int.. O clado 2 inclui três espécies não descritas, além de *P. minuta* e *P. quiinicola* ad int. e por último, o clado 3 compreende apenas duas espécies, *P. chrysites* oriundas do México e uma sequência do Brasil identificada como *P. perdurans* ad int. Os três clados apresentam suporte abaixo de 70% de BP e de 0,95 para PBP.

Para a análise de LSU, o MV encontrou 540 padrões de alinhamentos distintos, testadas a partir de 1.000 inferências rápidas de bootstrap, sob o modelo GTRGAMMA. Para essa filogenia, foi realizada apenas a análise de máxima verossimilhança. A matriz utilizada para gerar a árvore filogenética a partir do marcador nLSU (Figura 3) contém 293 sequências que soma 861 pb, sendo 470 caracteres variáveis, 404 parcimônia-informativos e 391 conservadas e tem como objetivo testar o posicionamento das espécies em *Phylloporia* com relação a filogenia anterior.

Figura 3 - Reconstrução filogenética de membros do gênero *Phylloporia* inferidos a partir do marcador nLSU. A topologia é da análise de máxima verossimilhança. Só os valores de sustentação do Bootstrap são indicados. Os valores de sustentação abaixo de 70% bootstrap não são indicados nos ramos. Nomes em negrito são sequências oriundas deste trabalho.





A relação entre as espécies apresentada (Figura 3) diverge em alguns pontos, em comparação à filogenia anterior (Figura 2). Na árvore de nLSU se formou a mesma quantidade de clados, onde estão as três espécies novas e a combinação nova. O clado 1 (-/-) corrobora com o clado 2 da Figura 2, o clado 2 (-/-) compreende menos espécies, sendo duas espécies não descritas, além de *P. pectinata* s.l., *P. capucina*, *P. imbricata* ad int. *P. lilliputiana* ad int. e *P. nandinae*. O clado 3 (-/-) tem mais espécies em comparação a Figura 2, compreendendo quatro espécies não descritas, juntamente com *P. nouraguensis*, *P. solicola*, *P. cylindrispora*, *P. perdurans* ad int. e *P. chrysites*.

5.2. ANÁLISES MORFOLÓGICAS

Foram analisados morfologicamente 29 espécimes previamente identificados como *P. pectinata*, provenientes de coletas realizadas para este trabalho e de revisão de herbários (FLOR, FURB, HUEFS), encontradas no Cerrado e Mata Atlântica. Dez espécimes eram mais semelhantes com a macromorfologia do complexo *P. chrysites*, e não foram abordados neste estudo (Tabela 1).

Tabela 1 - Espécimes revisados de *Phylloporia*, incluindo informações sobre o voucher, localidade de coleta e substratos onde os espécimes foram encontrados

Táxon	Herbário/Voucher	Localidade	Substrato
<i>P. pectinata</i>	KM 174174	Índia	Tronco morto
<i>P. pectinata</i>	FLOR 61558	Santa Catarina	Liana viva
<i>P. pectinata</i>	FURB 49083	Blumenau, Santa Catarina	
<i>P. pectinata</i>	FURB 51330	Blumenau, Santa Catarina	
<i>P. pectinata</i>	FURB 52790	Blumenau, Santa Catarina	Solo (associado a raiz)
<i>P. pectinata</i>	HUEFS 41455	Cachoeira, Bahia	Liana viva
<i>P. pectinata</i>	HUEFS 86347	Bom Jardim, Bahia	
<i>P. pectinata</i>	HUEFS 106133	Raso da Catarina, Bahia	Árvore viva
<i>P. pectinata</i>	HUEFS 108302	Serra da Jibóia, Bahia	
<i>P. pectinata</i>	HUEFS 133926	Raso da Catarina, Bahia	Árvore viva
<i>P. aff. pectinata</i>	FLOR 62978	Santa Catarina	Liana viva
<i>P. aff. pectinata</i>	FURB 47436	Blumenau, Santa Catarina	<i>Peritassa hatschbachii</i>
<i>P. aff. pectinata</i>	FURB 48903	Blumenau, Santa Catarina	
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 59253	Apiá, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 59254	Apiá, São Paulo	
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 59255	Iporanga, São Paulo	Árvore viva

Táxon	Herbário/Voucher	Localidade	Substrato
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 59256	Iporanga, São Paulo	
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79720*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79729*	Iporanga, São Paulo	<i>Quiina glaziovii</i>
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79730*	Iporanga, São Paulo	Árvore viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79731*	Capinzal, Santa Catarina	Tronco Morto
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79732*	Capinzal, Santa Catarina	Raíz
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79728*	Iporanga, São Paulo	<i>Quiina</i> sp.
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79722*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79723*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79724*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79725*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79726*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79721*	Apiáí, São Paulo	Liana viva
<i>Phylloporia</i> sp.	FLOR 79727*	Apiáí, São Paulo	<i>Amphilophium crucigerum</i>

cf.

* Espécimes novos

5.2.1. Taxonomia

Como resultados das análises filogenéticas e morfológicas, são descritos quatro táxons a seguir:

Phylloporia imbricata ad int. Santos-Mesquita, Alves-Silva & Drechsler-Santos (Figura 4 e Figura 5)

Holótipo: Brasil - São Paulo, Apiáí, Parque Natural Municipal Morro do Ouro, 24°30'33.9" S, 48°48'45.9" W, 1018 m de altitude, liana não identificada, 07 de fevereiro de 2018, *Alves-Silva*, G. 1284 (FLOR 79720).

Etimologia: “*imbricatus*” (latim) = sobrepondo como telhas. O epíteto da espécie refere-se a sobreposição concrescente de pequenos píleos no mesmo basidioma.

Basidioma perene, séssil a amplexante, formado por píleos concrescentes a imbricados; *píleo* duro, aplanado, flabeliforme a dimidiado; *superfície do píleo* lenhoso coberta por tomento denso, áspero a glabro, concetricamente zonado, estriado verticalmente, levemente sulcada, marrom forte (4/6 – 7.5YR) na base a amarelo avermelhado (6/8 – 7.5YR); *margem do píleo* ondulada, convoluta, concolor com a base; *himenóforo* revivescente, brilhante, marrom-

amarelado (5/8 – 10YR) a amarelo castanho (6/8 – 10 YR), marrom forte (4/6 – 7.5 YR) em camadas mais velhas; *poros* circulares, angulares e irregulares, 7–13/mm (média = 10), diâmetro de (63,1–)65,8–128,9(–139,9) μm (média = 96,1 μm); *dissepimento* fino, inteiro, (22–)24–79,5(–125,5) μm (média = 47,8 μm); *contexto* homogêneo, compacto, amarelo castanho (5/8 – 10YR), separado do tomento por uma linha negra brilhante, resinosa, espessa, contornando a camada de tubos; *camada de tubos* de cor marrom amarelado escuro (3/6 – 10YR) de 1 a 2 mm de espessura.

Estrutura hifal dimítico intermediário (Pegler 1996) ou dimítico D1–D2 (Corner 1991); *hifas generativas* flexíveis, raramente ramificadas em formato de Y, hialinas a amarelo pardo, regularmente septadas, com septo simples, de parede fina a espessa, lúmen irregular a sólido e resinoso, entremeadas com hifas de suporte retas a tortuosas, de coloração amarelo dourado, com paredes espessas, com lúmen aberto a quase fechado, com septos verdadeiros e secundários e com ápice aciculiforme. *Contexto*: hifas generativas tortuosas, de (1,5–)1,8–3,5 μm de diâmetro, hifas de suporte com (2,3–)2,5–5 μm de diâmetro. *Tomento*: hifas generativas retas, sem ramificações, de parede levemente espessada de (3–)3,1–5,7(–6) μm de diâmetro, com porções infladas, com ápice afiladas a raramente espatulado, hifas de suporte de (2,9–)3,5–6(–2,1) μm de diâmetro. *Nos tubos*: hifas generativas levemente tortuosas, 2–4,5 (5) μm de diâmetro, hifas de suporte com (2–)2,5–4,3(–5) μm de diâmetro. Cristais romboides a elipsoides abundantes na trama.

Himênio - *Basídio* clavado, (5,4–)5,5–8,8(–9) \times (3,3–)3,4–5,6(–6,2) μm (média = 7,3 \times 4,2 μm), Q = (1–)1,1 \times 2,4(–2,6) μm , média = 1,8 μm ; *basidiolo* semelhante aos basídios, ligeiramente menores, (4,4–)4,9–9,9(–10) \times (3,6–)3,7–5,6(–5,7) μm (média = 6,9 \times 4,7 μm); *basidiósporos* subglobosos a amplamente elipsoides, 2,2–3,4(–3,6) \times (1,5–)1,8–3(–3,2) μm (média = 2,7 \times 2,5 μm), Q = 1–1,46(–1,60) (Q média = 1,15), IKI-, CB-.

Fisiologia, substrato, habitat e distribuição conhecida: Fungo causador de podridão branca, encontrado parasitando lianas vivas não identificadas. No momento conhecido apenas para o Parque Natural Municipal Morro do Ouro (a 1018 m de altitude), cidade de Apiaí, estado de São Paulo, Brasil.

Material adicional examinado: Brasil - São Paulo, Apiaí, Parque Natural Municipal Morro do Ouro, liana não identificada, 10 de junho de 2022, Santos-Mesquita, I. B. MF.PROTAX46 (FLOR 79721).

Figura 4 - Superficie superior (a, c, e, g); Himenóforo (b, d, f, h). Basidiomas de *Phylloporia imbricata* ad int. (a, b); *Phylloporia lilliputiana* ad int. (c, d); *Phylloporia perdurans* ad int. (e, f); *Phylloporia quiinicola* ad int. (g, h) Barras de escala: a – h = 1 cm.

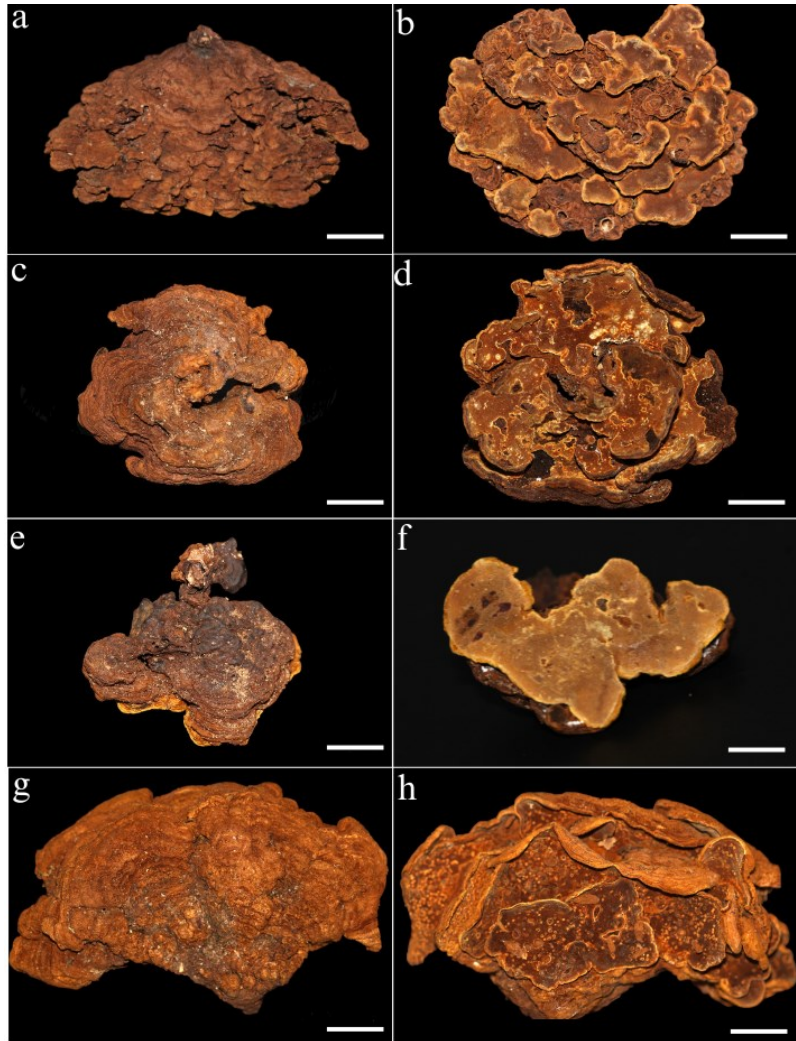
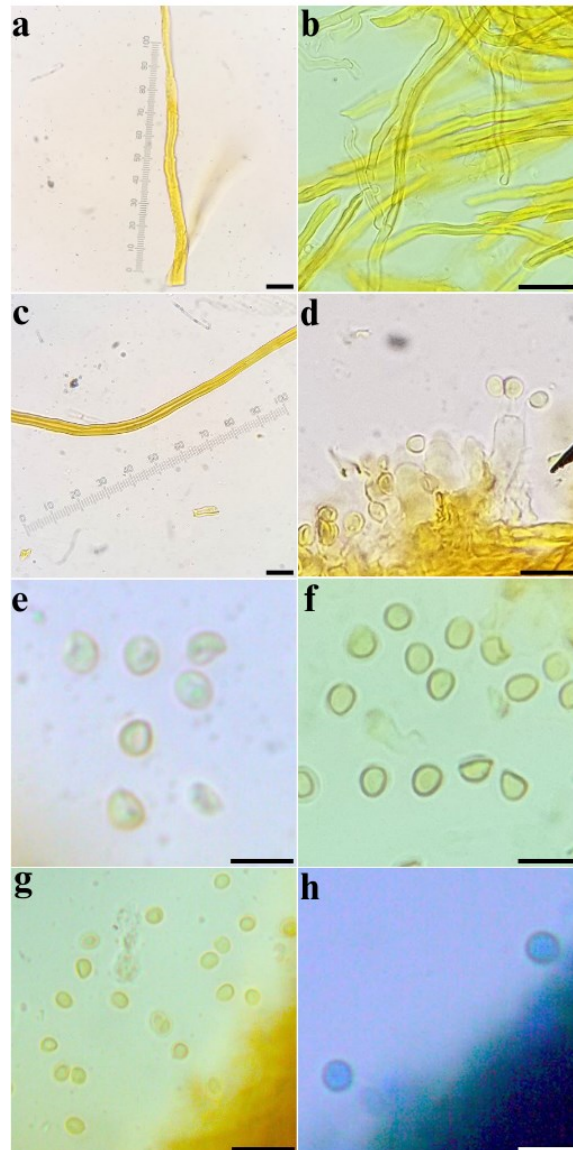


Figura 5 - Estruturas Microscópicas de *P. imbricata* ad int. a. Hifas do tomento; b. hifas generativas gerando as hifas de suportes nos tubos; c. Hifa de suporte mostrando a parede espessada; d. Basídio; e. Esporos em água; f. Esporos em KOH; g. Esporos em melzer; h. Esporos em CB. Barra de escala: a – h = 10 µm.



Notas: *Phylloporia imbricata* ad int. é caracterizada por apresentar basidioma perene, concrecente a imbricados, duro, flabeliforme a dimidiado, tomento áspero, poros circulares a angulares, 7–13/mm, contexto homogêneo e compacto, sistema hifal dimítico intermediário, basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides, $2,7 \times 2,5 \mu\text{m}$. *Phylloporia rubiacearum* Sheng H se assemelha por apresentar basidioma perene, concrecente a imbricados, duros, tomento áspero, poros circulares a angulares. *Phylloporia rubiacearum* difere por apresentar basidioma séssil a pendente, 7–9 poros/mm vs 7–13 poros/mm, contexto duplo com linha presente na fase jovem, sistema hifal dimítico e basidiósporos amplamente elipsoides maiores ($3\text{--}3,5 \times 2,3\text{--}2,8 \mu\text{m}$ vs $2,7 \times 2,5 \mu\text{m}$) (Wu et al., 2020) (Tabela 2). Filogeneticamente, *P.*

imbricata ad int. encontra-se em um clado composto por espécimes identificados como *P. sumacoensis*, *P. spathulata*, *P. ulloai*, *P. capucina*, *P. lilliputiana* ad int., *P. pectinata*, *P. nandinae* e outros espécimes não identificados do gênero, mas sem suporte nas análises de MV e IB.

Phylloporia lilliputiana ad int. (Speg.) Ferreira-Lopes, Santos-Mesquita, Robledo, Alves-Silva & Drechsler-Santos (Figura 4 e Figura 6)

Basiônimo: *Trametes lilliputiana* Speg., Boln Acad. nac. Cienc. Córdoba 11(4): 440 (1889)

Lectótipo: Brasil - Estado de São Paulo, Apiaí, sobre madeira morta, maio de 1981, Puiggari 1499 (LPS! 24980).

Epítipo: Brasil - São Paulo, Apiaí, Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira, Núcleo Caboclos, 24°27'10.2"S 48°35'52.6"W, 614 m de elevação, liana não identificada, Santos-Mesquita, I. B. MF.PROTAX23 (FLOR 79723).

Basidioma perene, séssil a amplexante, solitário; *píleo* dimidiado, aplanado, concrecente, 1,5–6,3 × 1–3 × 0,5–2 cm; *superfície do píleo* lenhosa, coberta por tomento esponjoso a velutino quando fresco, áspero e compacto quando seco, 2 mm de espessura, zonas finas concêntricas, estriado horizontalmente, sulcado na base, marrom forte a amarelo avermelhado (5/6 a 6/6 – 7.5YR); *margem* ondulada e levemente esponjosa, concolor com a superfície do píleo de 1 a 2 mm de espessura; *himenóforo* revivescente, marrom amarelado (5/8 – 10YR), poros angulares a circular, (5–)6–11(–12)/mm (média = 8,5), diâmetro de (68,3–)75–178,7(–259,2) µm (média = 111,05 µm); *dissepimento* inteiro, (14,9–)21,1–92,1(–108,3) µm (média = 45,85 µm); *contexto* homogêneo, compacto, concolor ao himenóforo, linha negra fina a espessa, até 1,5 mm; *camada de tubos* indistintamente estratificadas a não estratificada, de 1–2 mm de espessura.

Estrutura hifal – dimítico intermediário (Pegler 1996) ou dimítico D1–D2 (Corner 1991); *hifas generativas* retas a tortuosas, hialina a amarelo pardo, raramente ramificadas em Y, ilimitadas, septo-simples irregular, parede fina, lúmen aberto, porções sólidas e brilhantes, que se agregam e entrelaçam com hifas de suporte retas a pouco tortuosa, amarelo pardo a dourado, parede espessando a espessa, septos verdadeiros não regulares e secundário regulares, lúmen irregular e porções espatuladas. No *tomento*: predominância de hifas de suporte com

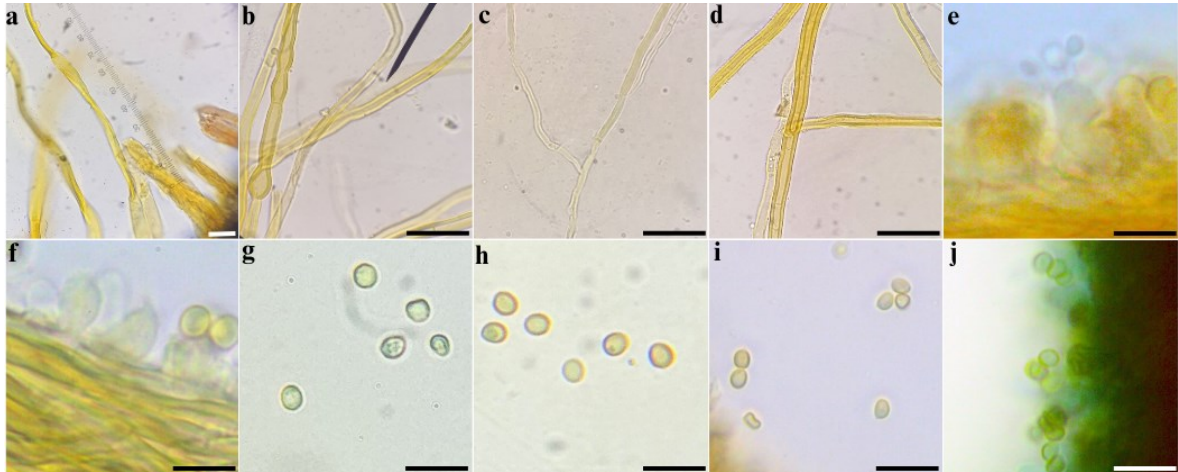
estrutura espatulada e afilada e porções sólidas, (3–)3,3–6,9(–7) μm de diâmetro. Nos *tubos*: hifas generativas, (1,6–)1,7– 3,9(–4,1) μm e hifas de suporte, (1,9–)2,3– 6,1(–7) μm . No *contexto*: hifas generativas (1,1–)1,7–4,3(–4,5) μm de diâmetro e hifas de suporte com estrutura espatulada e porções brilhantes, (3–)3,1– 6,1(–7) μm .

Himênio - *Basídios* clavados a formato de barril, (4–)4,9– 8,3(–8,8) \times 2,8–4,2(–4,3) μm (média = 6,7 \times 3,4 μm), Q = (1,4–)1,5–2,5(–2,6) μm (Q média = 2 μm); *basidiolos* semelhantes, porém menores, (3,2–)3,7–8,7(–9,3) \times (2,9–)3,2–5,1(–5,2) μm (média = 6,1 \times 4,7 μm), *cistídiolos* clavado-rostrado, parede fina; *basidiósporos* levemente colapsados, sub globosos a amplamente elipsoides, (2,1–)2,4–4,6(–5) \times (1,8–)2–3,6(–4) μm (média = 2,9 \times 3 μm), Q = (0,87–)1–1,72(–2,22) (média = 1,2 μm), IKI-, CB-.

Fisiologia, substrato, habitat e distribuição conhecida: Fungo causador de podridão branca, sobre *Amphilophium* cf. *crucigerum* (L.) L.G.Lohmann, no momento conhecido para o Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira e Parque Natural Municipal Morro do Ouro (a 600–900 m de altitude), cidade de Apiaí, estado de São Paulo, Brasil.

Materiais adicionais examinado: Brasil - São Paulo, Apiaí, Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira, Núcleo Caboclos, 24°27'10" S 48°35'53" W, 602 m de elevação, liana viva (Bignoniaceae ou Fabaceae), 08 de junho de 2022, Santos-Mesquita, I. B. MF.PROTAX21 (FLOR 79722); ibid. São Paulo, Parque Natural Municipal Morro do Ouro, 24°31'14.6"S 48°49'51.3"W, 914 m de elevação, liana não identificada, 09 de junho de 2022, MF.PROTAX31 (FLOR 79724); ibid., 24°31'14" S 48°49'48.7" W, 903 m de elevação, liana não identificada, MF.PROTAX32 (FLOR 79725); ibid., 24°31'4.7"S 48°49'29"W, 918 m de elevação, liana não identificada, MF.PROTAX40 (FLOR 79726); ibid., *Amphilophium* cf. *crucigerum*, 10 de junho de 2022, MF.PROTAX47 (FLOR 79727).

Figura 6 - Estruturas Microscópicas de *P. lilliputiana* ad int. a - b. Hifas do tomento; c. hifas dos tubos em NaOH; d. hifas do contexto em NaOH; e. Basídio; f. cistíolos e basidiolos; g. Esporos em água; h. Esporos em KOH; i. Esporos em melzer; j. Esporos em CB. Barra de escala: a – j = 10 µm.



Notas: *Phylloporia lilliputiana* ad int. é caracterizado por apresentar basidioma perene, séssil a amplexante, dimidiado, solitário a imbricado, aplanado, concentricamente sulcado, tomento esponjoso a áspero, poros circulares a angulares com 5–12/mm, contexto homogêneo, tubos indistintamente estratificado, sistema hifal dimítico intermediário, basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides, $2,9 \times 3 \mu\text{m}$. *Phylloporia subpectinata* (Murrill) Castro, Camino & S. Herrera se assemelha por ter basidioma perene, solitário a imbricado, aplanado, concentricamente sulcado. *Phylloporia subpectinata* difere por apresentar basidioma efuso-reflexo a séssil, poros circulares a elipsoides (8–13/mm vs 5–12/mm), contexto duplo, tubos distintamente estratificado, basidiósporos subglobosos ($2,1\text{--}3,1 \times 17\text{--}2,7 \mu\text{m}$ vs $2,9 \times 3 \mu\text{m}$) (Hernández et al., 2023). *Phylloporia imbricata* ad int. se assemelha por apresentar basidioma perene, poros circulares a angulares, contexto homogêneo, sistema hifal dimítico intermediário e basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides. *Phylloporia imbricata* ad int. difere por ter basidiomas duros, tomento áspero a glabro, 7–13 poros/mm vs 5–12 poros/mm e basidiósporos menores ($2,7 \times 2,5 \mu\text{m}$ vs $2,9 \times 3 \mu\text{m}$). Filogeneticamente, *P. lilliputiana* ad int. encontra-se em um clado composto por espécimes identificados como *P. sumacoensis*, *P. spathulata*, *P. ulloai*, *P. capucina*, *P. pectinata*, *P. nandinae*, *P. imbricata* ad int. e outros espécimes não identificados do gênero, mas sem suporte nas análises de MV e IB.

Phylloporia perdurans ad int. Santos-Mesquita, Alves-Silva & Drechsler-Santos (Figura 4 e Figura 7)

Etimologia: “*perdurare*” (latim) = persiste por muito tempo = O epíteto refere-se ao basidioma persistir após a morte do hospedeiro, sendo encontrado na raiz e no caule.

Holótipo: Brasil - Santa Catarina, Capinzal, 27°22'29" S 51°35'23" W, 680 m de altitude, sobre tronco morto de angiosperma não identificada, 21 de julho de 2019, *Ernzen, J. P.* 18 (FLOR 79731).

Basidioma perene, séssil, solitário, concrecente; *píleo* dimidiado a semi-ungulado, projetando 3 cm × 4 cm × 10 mm espessura; *superfície* do píleo coberta por tomento compactado, incrustado, concentricamente sulcado em zonas aveludadas, separadas por camadas finas, profundas e escuras, estriadas horizontalmente, marrom muito escuro a marrom escuro (2.5/3 – 3/4 – 7.5YR); *margem* estéril arredondada, irregular e esponjoso, 2 mm de espessura, marrom forte (5/8 – 7.5YR ; *himenóforo* revivescente, amarelo acastanhado (6/6 – 6/8 10YR), poros redondos a irregulares, 6–10(–11) poros/mm (média = 8); diâmetro (82,9–)89,7–147,5(–181,9) (média = 117,46 µm), dissepimento inteiro, (18,1–)25,4–88,2(–94,1) (média = 43,15 µm); *contexto* homogêneo, marrom amarelado (5/8 – 10YR), linha espessa brilhante, até 2 mm de espessura; *camada de tubos* concolor ao himenóforo com até 3 mm de espessura.

Estrutura hifal – dimítico intermediário (Pegler 1996) ou dimítico D1–D2 (Corner 1991); *hifas generativas* de parede fina, eretas a levementes tortuosas, ramificadas longas ou em formato de Y, hialinas a amarelo pardo, septos verdadeiros espaçados, lúmen aberto, entrelaçadas entre si, dando origem a hifas de suporte, retas, levemente flexível, parede espessa, com septos verdadeiros e septos secundários, lúmen resinoso e aberto, de coloração amarelo pardo a ferrugem. No *tomento*: hifas generativas retas (3,7–)3,7–5,4(–5,6) µm e hifas de suporte com estrutura espatulada e afilada com (2,9–)3,2–6,3(–6,4) µm de diâmetro. Nos *tubos*: hifas generativas levemente tortuosas com septos verdadeiros espaçados (1,7–)2–3,4(–3,5) µm de diâmetro e hifas de suporte com lúmen estreito (2,8–)2,8–4,2(–4,5) µm de diâmetro. No *contexto*: hifas generativas tortuosas, entrelaçadas e ramificadas, septos verdadeiros regulares, (2,1–)2,2–3,8(–4,1) µm de diâmetro, ligadas a hifas de suporte com porções sólidas douradas e lumen resinoso, (2,9–)3,3–5,4 µm de diâmetro.

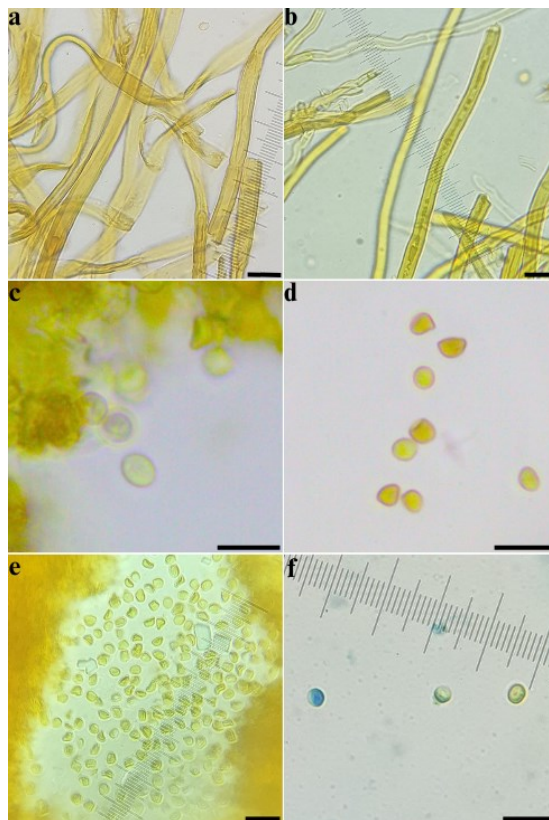
Himênio - *basídios* forma de barril, (4–)4,9–8,3(–8,8) × 2,8–4,2(–4,3) (média = 6,7 × 3,4 µm) Q = (1,4–)1,5–2,5(–2,6) (Q média = 2 µm); *basídiolos* semelhantes (3,2–)3,7– 8,7(–9,3) × (2,9–)3,2–5,1(–5,2) (média = 6,1 × 4,7 µm); *basidiósporos* pouco colapsados,

subglobosos a amplamente elipsoides, $(2,1-2,4-3,7(3,8) \times (1,9-2,1-3,3(-3,7))$ (média = $2,9 \times 2,7 \mu\text{m}$) $Q = (0,87-1-1,5(-1,63))$ (média = $1,2 \mu\text{m}$), IKI-, KOH+ leve. Cristais abundantes no himênio e trama.

Fisiologia, substrato, habitat e distribuição conhecida: Fungo causador de podridão branca, encontrado parasitando tronco morto e raiz de angiospermas não identificada, (a 680 m de altitude), cidade de Capinzal, estado de Santa Catarina, Brasil.

Material adicional examinado: Brasil - Santa Catarina, Capinzal, $27^{\circ}22'29''$ S $51^{\circ}35'23''$ W, 680 m de altitude, sobre tronco morto de angiospermas, 10 de abril de 2023, *Ernzen, J. P. 98* (FLOR 79732).

Figura 7 - Estruturas Microscópicas de *P. perdurans* ad int. a. Hifas do tomento; b. Hifas do contexto; c. Esporos em água; d. Esporos em KOH; e. Esporos em melzer; f. Esporos em CB. Barra de escala: a – f = $10 \mu\text{m}$.



Notas: *Phylloporia perdurans* ad int. se caracteriza por desenvolver basidioma perene, solitário, semi-ungulado, duro, tomento denso e incrustado, poros circulares com 6–11/mm, contexto homogêneo, sistema hifal dimítico intermediário, basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides de $2,9 \times 2,7 \mu\text{m}$ com reação leve a KOH. *Phylloporia mori* e *P. pectinata* se assemelham a *P. imbricata* ad int. por desenvolverem basidioma perene, solitário, semi-

ungulado, duro, tomento denso e incrustado e poros circulares. *Phylloporia mori* se distingue por apresentar hábito ressupinado a efuso-reflexo, 7–9/mm vs 6–11/mm, sistema hifal dimítico e basidiósporos amplamente elipsoides maiores (4–4,8 × 3,1–3,8 μm vs 2,9 × 2,7 μm) (Wu et al., 2020). *Phylloporia pectinata* se distingue por apresentar contexto duplo, 8–10 poros/mm vs 6–11 poros/mm, sistema hifal dimítico e basidiósporos subglobosos maiores (3–4 × 3 μm vs 2,9 × 2,7 μm) (Wagner & Ryvarden, 2002). *Phylloporia imbricata* ad int. e *P. lilliputiana* ad int. se assemelham com *P. perdurans* por terem basidioma perene, poros circulares, contexto homogêneo, sistema hifal dimítico intermediário, basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides. *Phylloporia imbricata* ad int. se difere por ter basidioma flabeliforme a dimidiado, múltiplos píleos imbricados, tomento áspero a glabro, 7–13 vs 6–11 poros/mm) e basidiósporos levemente menores (2,7 × 2,5 μm vs 2,9 × 2,7 μm) e *P. lilliputiana* ad int. se difere por ter basidioma com tomento áspero, 5–12 poros/mm vs 6–11 poros/mm e basidiósporos levemente maiores (2,9 × 3 μm vs 2,9 × 2,7 μm). Filogeneticamente, *P. perdurans* encontra-se em um clado composto por espécimes identificados como *P. chrysites*, mas sem suporte nas análises de MV e IB.

Phylloporia quiinicola ad int. Santos-Mesquita, Alves-Silva & Drechsler-Santos (Figura 4 e Figura 8)

Etimologia: refere-se ao gênero de planta hospedeira *Quiina* (Quinaceae).

Holótipo: Brasil - São Paulo, Iporanga, Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira, Núcleo Santana, 24°27'16.8" S, 48°35'05.9" W, 586 m altitude, sobre *Quiina glaziovii*, 08 de fevereiro de 2018, *Alves-Silva, G.* 1292 (FLOR 79729).

Basidioma perene, séssil a amplexante, grupo de píleos concrecentes a imbricados; *píleo* aplanado, dimidiado a flabeliforme, projetando 4–9 cm × 7,5–13,2 cm × 2–6 cm de espessura; *superfície do píleo* aveludado quando fresco, tomento compactado e duro quando seco, concentricamente zonado, sulcado, mais proeminente na base, linhas horizontais escuras separando as zonas, tomento áspero principalmente na base, levemente esponjoso na margem, com 0,5 a 2 mm de espessura, marrom forte (4/6 – 5/6 7.5YR); *margem* convexa e ondulada, amarelo avermelhado (6/8– 7.5 YR); *himenóforo* revivescente, marrom escuro (3/4 10YR), poros circulares, 9–14(–15)/mm (média = 11), (57,4–)61,2–110,1(–132,1) μm diâmetro de (média = 132,1 μm); dissepimento (13,7–)15,3–71,3(–78,7) μm (média = 35,85 μm); *contexto*

compacto com linha preta espessa abaixo da superfície superior; *camada de tubos* com 1 mm de espessura.

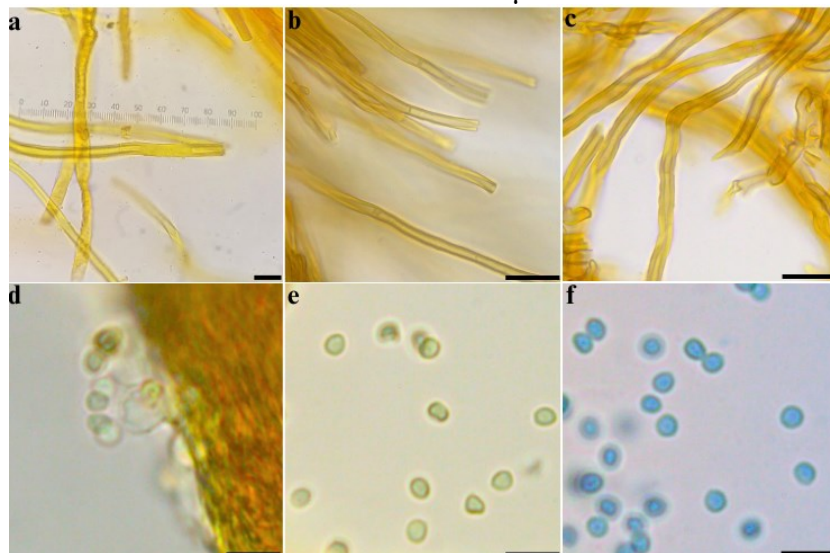
Estrutura hifal - dimítico intermediário (Pegler 1996) ou dimítico D1–D2 (Corner 1991); *hifas generativas* retas e pouco ramificadas, hialinas a amarelo pardo, com septos-simples, parede fina, lúmen aberto com porções sólidas resinosas a opaca, agregada com hifas de suporte, retas, de coloração amarelo dourado, com paredes espessas, lúmen irregular, septos-simples verdadeiros a septos secundários regulares, com ápices aciculiformes a espatulado. No *tomento*: hifas generativas afiladas e ápice espatulado (3–)3,2–5,5 μm , hifas de suporte, 3–6(–6,1 μm) de diâmetro. Nos *tubos*: hifas generativas com septos regulares (2–)2,1–3,3(–3,4 μm), hifas de suporte com lúmen estreito (2–)2,2–3,9(–5) μm de diâmetro. No *contexto*: hifas generativas com porções constrictas, (1,5–)1,6–4(–4,3) μm , hifas de suporte, 3–5,9(–6) μm de diâmetro.

Himênio - *Basídio* clavado 3,8– 6,2 \times (1,9–)2– 4,5 (média = 4,5 \times 4,5 μm) Q = (1,4–)1,5–2,5(–2,6) (média = 2 μm); *basidiolos* semelhantes (4,1–)4,3–6,4(–6,7) \times (3,9–)3,9–4,9(–5,1) (média = 5,2 \times 4,4 μm); *basidiósporos* colapsados, elipsoides oblongos a subglobosos, (1,6–)1,8–3,1(–3,4) \times (1,4–)1,6–2,8(–3,1) (média = 2,3 \times 2,2 μm) Q = 1–1,45(–1,58) (média = 1,1 μm), IKI-, CB+ leve. Cristais presentes no himênio e trama.

Fisiologia, substrato, habitat e distribuição conhecida: Fungo causador de podridão branca, parasitando *Quiina* sp. e *Quiina glaziovii*, localizadas no Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira, Núcleo Santana e Caboclos (a 200–600 m de altitude), cidade de Apiaí e Iporanga, estado de São Paulo, Brasil.

Materiais adicionais examinados: Brasil - São Paulo, Iporanga, Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira, Núcleo Santana, 24°31'41.4" S 48°49'24 W, 268 m altitude, *Quiina* sp. 06 de junho de 2022, Santos-Mesquita, I. B. MF.PROTAX3 (FLOR 79728); *ibid.*, sobre a árvore de angiosperma não identificada, 08 de fevereiro de 2018, Alves-Silva, G. 1293 (FLOR 79730); Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira, Núcleo Caboclos, 24°26'15" S 48°33'47" W, árvore de angiosperma não identificada, 15 de dezembro de 2014, Alves-Silva, G. 691 (FLOR 59255).

Figura 8 - Estruturas Microscópicas de *P. quiinicola* ad int a. Hifas do tomento; b. Hifas do tubo; c. Hifas do contexto; d. Basídio; e. Esporos em melzer; f. Esporos em CB. Barra de escala: a – f = 10 μ m.



Notas: *Phylloporia quiinicola* ad int. apresenta basidioma perene, séssil a amplectante, concrecente, dimidiado, tomento aveludado à compactado, sulcado, poros circulares, 9–14(–15)/mm, contexto homogêneo, sistema hifal dimítico intermediário e basidiósporos elipsoides oblongos a subglobosos, $2,3 \times 2,2 \mu\text{m}$, reação leve a azul de algodão. *Phylloporia manglietiae* Yuan Y. Chen & BK Cui se assemelha por ter basidioma perene, séssil a amplectante e poros circulares e se distingue por apresentar tomento piloso glabro, 6–8 poros/mm vs 9–15 poros/mm, contexto duplo, sistema hifal monomítico no contexto e dimítico nos tubos e basidiósporos amplamente elipsoides ($3\text{--}3,5 \times 2\text{--}2,5 \mu\text{m}$ vs $2,3 \times 2,2 \mu\text{m}$) (Chen et al., 2017). *Phylloporia imbricata* ad int., *P. lilliputiana* ad int. e *P. perdurans* ad int. se assemelham com *P. quiinicola* ad int. por terem basidioma perene, séssil, concrecente, poros circulares, contexto homogêneo e sistema hifal dimítico intermediário. *Phylloporia imbricata* ad int. se distingue por apresentar basidioma duro e tomento áspero a compactado, 7–13 poros/mm vs 9–15 poros/mm e basidiósporos maiores, subglobosos a amplamente elipsoides ($2,7 \times 2,5 \mu\text{m}$ vs $2,3 \times 2,2 \mu\text{m}$). *Phylloporia lilliputiana* ad int. se distingue por apresentar basidioma com tomento esponjoso a áspero, 5–12 poros/mm vs 9–15 poros/mm, basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides ($2,9 \times 3$ vs $2,3 \times 2,2 \mu\text{m}$) e *P. perdurans* ad int. se distingue por ter basidiomas solitários, duros, tomento inscrutado, 6–11 poros/mm vs 9–15 poros/mm e basidiósporos subglobosos a amplamente elipsoides ($2,9 \times 2,7 \mu\text{m}$ vs $2,3 \times 2,2 \mu\text{m}$). Filogeneticamente, *P. quiinicola* se encontra em um clado composto por espécimes identificados como *P. minuta*, além de outros espécimes não identificados do gênero, mas sem

suporte nas análises de MV e IB. *Phylloporia quiinicola* ad int. está mais próxima de *Phylloporia* sp. (MUCL FG12-670; FG13; FG13-722; FG13-754) da Guiana Francesa (BP = 100 / PBP = 1).

Tabela 2 - Caracteres morfológicos comparativos entre *P. pectinata* sensu Wagner e Ryvardeen, *P. pectinata* s.s (Ferreira-Lopes, 2018) e as espécies novas e seus respectivos hospedeiros

Espécies	Pileo	Poros (mm)	Contexto	Sistema Hifal	Esporos (µm)	Hospedeiros
<i>P. pectinata</i> sensu Wagner e Ryvardeen	Perene e semi-ungulado, imbricado, sulcado, tomento compactado	8–10	Duplo	Dimítico	3–3,5(–4) × 3	Madeira decídua
<i>P. pectinata</i> s.s. Ferreira-Lopes	em zonas	5–9	Duplo	Dimítico intermediário	3,4 × 2,6	Madeira decídua
<i>P. imbricata</i> ad int.	Perene flabeliforme a semi-ungulado, imbricado, sulcado, tomento compactado e áspero	7–13	Homogêneo	Dimítico intermediário	2,7 × 2,5	Liana viva
<i>P. lilliputiana</i> ad int.	Perene, dimidiado, concrecente, sulcado, tomento velutino a compactado e áspero	5–12	Homogêneo	Dimítico intermediário	2,9 × 3	Liana viva
<i>P. perdurans</i> ad int.	Perene dimidiado a semi-ungulado, concrecente, sulcado e duro tomento compactado	6–11	Homogêneo	Dimítico intermediário	2,9 × 2,7	Árvore morta
<i>P. quiinicola</i> ad int.	Perene, dimidiado, tomento aveludado a compactado quando seco sulcado	9–15	Homogêneo	Dimítico intermediário	2,3 × 2,2	Árvore viva

6. DISCUSSÃO

Dentro de Hymenochaetaceae, algumas características taxonômicas são confiáveis para a delimitação de espécies, como a diferença de sistema hifal monomítico e dimítico ou presença e ausência de setas. No entanto, para *Phylloporia*, há uma grande sobreposição de caracteres que dificulta a identificação, resultando em um aumento no número de complexos

morfoespécies. Uma abordagem integrativa, portanto, refina a delimitação de espécies, como foi o caso desse estudo.

Os dados morfológicos revelaram que a quantidade de poros por milímetro foi o caráter que mais se diferenciou entre as espécies descritas neste estudo. Além disso, a reação a KOH nos esporos de *P. perdurans* ad int. e a reação ao azul de algodão em *P. quiinicola* ad int. também se destacaram. Em comparação com *P. pectinata* sensu stricto, essas espécies apresentam basidiósporos menores bem como um contexto homogêneo, mas ainda se assemelham com outras características, tais como ter basidioma perene, sistema hifal dimítico intermediário e quantidade de poros por mm (Tabela 2). Do ponto de vista ecológico, *P. quiinicola* demonstra uma restrição ao gênero *Quiina* Aubl., enquanto *P. imbricata* ad int. e *P. lilliputiana* ad int. encontradas em lianas vivas, e *P. perdurans* ad int. em árvores mortas, podem apresentar uma distribuição mais ampla de hospedeiros. *P. pectinata*, por sua vez, foi registrada tanto como parasita em *Broussonetia* sp. e *Lonicera* sp., quanto saprofítica em hospedeiros mortos (Dai, 2010; Ryvarden & Johansen, 1980).

A filogenia de quatro genes apresentada neste estudo (Figura 2) revela a existência de uma diversidade críptica na morfologia de *P. pectinata*, incluindo linhagens da Argentina e do Gabão (Yombiyeni et al., 2015). Ademais, confirma que *P. lilliputiana* não é sinônimo de *P. pectinata*, mas sim uma espécie distinta dentro do gênero. Além disso, demonstra que outras espécies com morfologia semelhante correspondem a linhagens distintas. Nos clados destacados, observa-se que as novas espécies estão diretamente relacionadas a espécies previamente encontradas na região neotropical.

Todos os clados destacados nas Figuras 2 e 3 demonstram um alto suporte na delimitação das espécies, mas não exibem suporte significativo nos nós internos, com valores inferiores a 70% para BP e 0,95 para PBP. Esses dados são corroborados por estudos sobre *Phylloporia* que apresentam a filogenia baseada no marcador nLSU. Essa tendência persiste mesmo ao utilizar outros marcadores na reconstrução filogenética, conforme observado por Olou et al. (2021a; 2023b). Uma das hipóteses para a ausência de suporte nos clados supraespecíficos deve-se às lacunas de dados nos marcadores ITS, RPB2 e TEF1- α em comparação com nLSU.

No entanto, é importante notar que, para alguns gêneros da família, a análise filogenética baseia-se exclusivamente no ITS ou em sua combinação com o LSU, proporcionando um suporte mais robusto entre as espécies. Exemplos notáveis incluem os estudos de Drechsler-

Santos et al. (2016) com *Phellinotus* Drechsler-Santos, Robledo & Rajchenb, Salvador-Montoya et al. (2018) com *Fulvifomes* Murrill, Alves-Silva et al. (2020) com *Fomitiporia* Murrill, e Bittencourt et al. (2024) com *Fuscoportia* Murrill. Esses estudos demonstram que a combinação de marcadores pode superar as limitações de suporte observadas em *Phylloporia*, fornecendo uma base filogenética mais robusta e confiável para a delimitação de espécies.

7. CONCLUSÃO

Estudos envolvendo complexos de espécies são fundamentais para esclarecer a delimitação das espécies, considerando aspectos morfológicos, biogeográficos e filogenéticos. Esses estudos destacam a existência de hospedeiros específicos e/ou áreas de endemismo. Além disso, eles contribuem para a compreensão filogenética, auxiliando na reconstrução da história evolutiva do gênero e no entendimento das relações entre as espécies. Esses conhecimentos são igualmente essenciais para a formulação de estratégias de conservação específicas para as espécies do gênero que estejam em áreas potencialmente ameaçadas.

Neste contexto, esse trabalho apresenta três novas espécies de *Phylloporia* e uma nova combinação descritas a partir de materiais coletados na Mata Atlântica das regiões Sul e Sudeste do Brasil. Embora os caracteres morfológicos, por si só, não tenham sido suficientes para a delimitação das espécies, as análises filogenéticas foram cruciais para a separação dos espécimes em espécies distintas. Adicionalmente, os dados ecológicos relacionados aos hospedeiros revelaram que essas espécies eram encontradas em substratos diferentes.

Portanto, a utilização da taxonomia integrativa, que combina dados morfológicos, filogenéticos e ecológicos, é extremamente importante para entender e solucionar complexos de espécies, contribuindo assim para o conhecimento aprofundado do grupo. Diante disso, é crucial investigar os exemplares catalogados nos herbários do Brasil, pois eles podem representar espécies ainda não descritas, necessitando do uso da taxonomia integrativa para seu estudo e classificação.

REFERÊNCIAS

- Alves-Silva, G., Reck, M. A., Silveira, R. M. B., Bittencourt, F., Robledo, G. L., Góes-Neto, A., & Drechsler-Santos, E. R. (2020). The Neotropical *Fomitiporia* (Hymenochaetales, Basidiomycota): the redefinition of *F. apiahyna* ss allows revealing a high hidden species diversity. *Mycological Progress*, 19(8), 769-790.
- Antonelli, A., Smith, R. J., Fry, C., Simmonds, M. S., Kersey, P. J., Pritchard, H. W., ... & Qi, Y. D. (2020). *State of the World's Plants and Fungi* (Doctoral dissertation, Royal Botanic Gardens (Kew); Sfumato Foundation).
- Baltazar, J. M., & Gibertoni, T. B. (2009). A checklist of the aphyllorphoroid fungi (Basidiomycota) recorded from the Brazilian Atlantic Forest. *Mycotaxon*, 109(1), 439-442.
- Bittencourt, F., Costa-Rezende, D. H., Kout, J., Góes-Neto, A., Vlasák, J., & Drechsler-Santos, E. R. (2024). On Neotropical *Fuscoporia* with strigose pileus surface: Redescription and phylogenetic study of *Polyporus sarcites* and a new species *Fuscoporia dollingeri* (Hymenochaetaceae, Basidiomycota). *Plant and Fungal Systematics*, 69(1), 23-38.
- Boddy, L. (2016). Genetics–variation, sexuality, and evolution. In *The fungi*. Academic Press. p. 99-139.
- Cannon, P. F., & Kirk, P. M. (Eds.). (2007). *Fungal families of the world*. Cabi. Chats, M. S. C. (1975). Baltimore: Munsell Color Company.
- Chen, Y., Zhu, L., Xing, J., & Cui, B. (2017). Three new species of *Phylloporia* (Hymenochaetales) with dimitic hyphal systems from tropical China. *Mycologia*, 109(6), 951-964.
- Cléménçon, H., Emmett, V., & Emmett, E. E. (2012). Cytology and Plectology of the Hymenomycetes. *Sydowia*, 164, 2.
- Color, M. (1975). Munsell soil color charts: Baltimore. *Maryland, Munsell Color*.
- Corner, E. H. (1991). Ad Polyporaceas VII: the xanthochroic polypores. *Beihefte zur Nova Hedwigia*, 101.

- Cubeta, M. A., Echandi, E., Abernethy, T., & Vilgalys, R. (1991). Characterization of anastomosis groups of binucleate Rhizoctonia species using restriction analysis of an amplified ribosomal RNA gene. *Phytopathology*, 81(11), 1395-1400.
- Dai, Y. C. (2010). Hymenochaetaceae (Basidiomycota) in China. *Fungal diversity*, 45(1), 131-343.
- Decock, C., Figueroa, S. H., Robledo, G., & Castillo, G. (2007). *Fomitiporia punctata* (Basidiomycota, Hymenochaetales) and its presumed taxonomic synonyms in America: taxonomy and phylogeny of some species from tropical/subtropical areas. *Mycologia*, 99(5), 733-752.
- Decock, C., Yombiyeni, P., & Memiaghe, H. (2015). Hymenochaetaceae from the Guineo-Congolian rainforest: *Phylloporia flabelliforma* sp. nov. and *Phylloporia gabonensis* sp. nov., two undescribed species from Gabon. *Cryptogamie, Mycologie*, 36(4), 449-467.
- Dentinger, B. T., Margaritescu, S., & MONCALVO, J. M. (2010). Rapid and reliable high-throughput methods of DNA extraction for use in barcoding and molecular systematics of mushrooms. *Molecular Ecology Resources*, 10(4), 628-633.
- Drechsler-Santos, E. R., Robledo, G. L., Lima-Junior, N. C., Malosso, E., Reck, M. A., Gibertoni, T. B., ... & Rajchenberg, M. (2016). *Phellinotus*, a new neotropical genus in the Hymenochaetaceae (Basidiomycota, Hymenochaetales). *Phytotaxa*, 261(3), 218-239.
- Ferreira-Lopes, V. (2018). El Género *Phylloporia* Murrill (Hymenochaetaceae) en la región neotropical. Tesis (Doctorado en Ciencias Biológicas) - Universidad Nacional de Córdoba, Argentina, 147 p.
- Fiasson, J. L., & Niemelä, T. (1984). The Hymenochaetales: a revision of the European poroid taxa. *Karstenia*, 24(1), 14-28.
- Floudas, D., Binder, M., Riley, R., Barry, K., Blanchette, R. A., Henrissat, B., ... & Hibbett, D. S. (2012). The Paleozoic origin of enzymatic lignin decomposition reconstructed from 31 fungal genomes. *Science*, 336(6089), 1715-1719.

- Frøslev, T. G., Matheny, P. B., & Hibbett, D. S. (2005). Lower level relationships in the mushroom genus *Cortinarius* (Basidiomycota, Agaricales): a comparison of RPB1, RPB2, and ITS phylogenies. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37(2), 602-618.
- Gafforov, Y., Tomšovský, M., Langer, E., & Zhou, L. W. (2014). *Phylloporia yuchengii* nom. prov. (Hymenochaetales, Basidiomycota) from Western Tien Shan Mountains of Uzbekistan based on phylogeny and morphology. *Cryptogamie, Mycologie*, 35(4), 313-322.
- Góes-Neto, A., Loguercio-Leite, C., & Guerrero, R. T. (2000). Taxonomy and qualitative ecological aspects of poroid Hymenochaetales in a Brazilian seasonal tropical forest. *Mycotaxon*, v. 76, p. 197-211.
- Góes-Neto, A., Loguercio-Leite, C., & Guerrero, R. T. (2005). DNA extraction from frozen fieldcollected and dehydrated herbarium fungal basidiomata: performance of SDS and CTAB-based methods. *Biotemas*, 18(2), 19-32.
- Gomes-Silva, A. C., & Gibertoni, T. B. (2009). Checklist of the aphyllloporaceous fungi (Agaricomycetes) of the Brazilian Amazonia. *Mycotaxon*, 108(1), 319-322.
- Haight, J. E., Laursen, G. A., Glaeser, J. A., & Taylor, D. L. (2016). Phylogeny of *Fomitopsis pinicola*: a species complex. *Mycologia*, 108(5), 925-938.
- Hawksworth, D. L., & Lücking, R. (2017). Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. *Microbiology spectrum*, 5(4), 10-1128.
- Hernández, L. C., Vilaró, M. C., & Figueroa, S. H. (2023). Revisión taxonómica del género *Phylloporia* (Hymenochaetaceae, Basidiomycota) en Cuba. *Acta Botánica Mexicana*, (130), 21.
- Hibbett, D. S., Bauer, R., Binder, M., Giachini, A. J., Hosaka, K., Justo, A., ... & Thorn, R. G. (2014). 14 Agaricomycetes. *Systematics and evolution: part A*, 373-429.

Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular biology and evolution*, 30(4), 772-780.

Krah, F. S., Hagge, J., Schreiber, J., Brandl, R., Müller, J., & Bässler, C. (2022). Fungal fruit body assemblages are tougher in harsh microclimates. *Scientific reports*, 12(1), 1633.

Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1870-1874.

Larsson, A. (2014). AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets. *Bioinformatics*, 30(22), 3276-3278.

Larsson, K. H., Parmasto, E., Fischer, M., Langer, E., Nakasone, K. K., & Redhead, S. A. (2006). Hymenochaetales: a molecular phylogeny for the hymenochaetoid clade. *Mycologia*, 98(6), 926-936.

Liu, J. K., Hyde, K. D., Jones, E. G., Ariyawansa, H. A., Bhat, D. J., Boonmee, S., ... & Camporesi, E. (2015). Fungal diversity notes 1–110: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal species. *Fungal diversity*, 72, 1-197.

Matheny, P. B. (2005). Improving phylogenetic inference of mushrooms with RPB1 and RPB2 nucleotide sequences (Inocybe; Agaricales). *Molecular phylogenetics and evolution*, 35(1), 1-20.

Miller, M. A., Pfeiffer, W., & Schwartz, T. (2011). The CIPRES science gateway: a community resource for phylogenetic analyses. In *Proceedings of the 2011 TeraGrid Conference: extreme digital discovery* (pp. 1-8).

Murrill, W. A. (1904). A new polyporoid genus from South America. *Torreyia*, 4(9), 141-142.

Olou, B. A., Krah, F. S., Piepenbring, M., & Yorou, N. S. (2023). *Phylloporia mutabilis* sp. nov. from Benin, West Africa. *Fungal Systematics and Evolution*, 12(1), 81-90b

Olou, B. A., Yorou, N. S., Langer, E. (2021). New species and a new record of *Phylloporia* from Benin. *Scientific Reports*, 11(1), 8879a

Pegler, D. N. (1996). Hyphal analysis of basidiomata. *Mycological Research*, 100(2), 129-142.

Phylloporia in Index Fungorum. Royal Botanic Gardens Kew.

<<http://www.indexfungorum.org/names/names.asp>> Acesso 2021 a 2024.

Raja, H. A., Miller, A. N., Pearce, C. J., & Oberlies, N. H. (2017). Fungal identification using molecular tools: a primer for the natural products research community. *Journal of natural products*, 80(3), 756-770.

Rambaut, A., Drummond, A. J., Xie, D., Baele, G., & Suchard, M. A. (2018). Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic biology*, 67(5), 901-904.

Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., ... & Huelsenbeck, J. P. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology*, 61(3), 539-542.

Ryvarden, L. (1991). Genera of polypores. Nomenclature and taxonomy. *Synopsis fungorum*, 5, 1-363.

Ryvarden, L. (2004). Neotropical polypores: Part 1: Introduction, Ganodermataceae & Hymenochaetaceae. *Fungiflora*.

Ryvarden, L., & Johansen, I. (1980). A preliminary polypore flora of East Africa. *Fungiflora*.

Salvador-Montoya, C. A., Popoff, O. F., Góes-Neto, A., & Drechsler-Santos, E. R. (2020). Global phylogenetic and morphological reassessment of *Fomitiporella* sl (Hymenochaetales,

Basidiomycota): taxonomic delimitation of *Fomitiporella* ss and segregation of *Rajchenbergia*, gen. nov. *Plant systematics and evolution*, 306, 1-27.

Salvador-Montoya, C. A., Popoff, O. F., Reck, M., & Drechsler-Santos, E. R. (2018). Taxonomic delimitation of *Fulvifomes robiniae* (Hymenochaetales, Basidiomycota) and related species in America: *F. squamosus* nom. prov. *Plant Systematics and Evolution*, 304, 445-459.

Sambrook, J., Fritsch, E. F., & Maniatis, T. (1989). *Molecular cloning: a laboratory manual* (No. Ed. 2). Cold spring harbor laboratory press.

Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., ... & White, M. M. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the national academy of Sciences*, 109(16), 6241-6246.

Spegazzini, C. L. (1889). Fungi puiggariani. *Boletín de la Academia Nacional de Ciencias de Córdoba*, 11.

Stamatakis, A. (2014). RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30(9), 1312-1313.

Stielow, J. B., Levesque, C. A., Seifert, K. A., Meyer, W., Irinyi, L., Smits, D., ... & Robert, V. (2015). One fungus, which genes? Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. *Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 35(1), 242-263.

Teixeira, A. R. (1989). Gêneros de poliporáceos xantocróicos. *Acta Botanica Brasilica*, 3, 57-62.

Teixeira, A. R. (1995). Método para estudo das hifas do basidiocarpo de fungos poliporáceos.

Thiers, B. [continuamente atualizado] Index Herbariorum: a global directory of public herbaria and associated staff.

- Vilgalys, R., & Hester, M. (1990). Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of bacteriology*, *172*(8), 4238-4246.
- Wagner, T., & Fischer, M. (2001). Natural groups and a revised system for the European poroid Hymenochaetales (Basidiomycota) supported by nLSU rDNA sequence data. *Mycological Research*, *105*(7), 773-782.
- Wagner, T., & Ryvarden, L. (2002). Phylogeny and taxonomy of the genus *Phylloporia* (Hymenochaetales). *Mycological progress*, *1*(1), 105-116.
- Wu, F., Ren, G. J., Wang, L., Oliveira-Filho, J. R. C., Gibertoni, T. B., & Dai, Y. C. (2019). An updated phylogeny and diversity of *Phylloporia* (Hymenochaetales): eight new species and keys to species of the genus. *Mycological Progress*, *18*, 615-639.a
- Wu, S. H., Chang, C. C., Wei, C. L., Lin, Y. T., & Chen, S. Z. (2020). Four new species of *Phylloporia* (Hymenochaetales, Basidiomycota) from southeastern Taiwan. *Mycological Progress*, *19*, 743-752.b
- Wu, S. H., Chang, C. C., Wei, C. L., & Jiang, G. Z. (2021). *Phylloporia moricola* sp. nov. (Hymenochaetales, Basidiomycota) from China. *Phytotaxa*, *501*(1), 181-188.c
- Wu, F., Zhou, L. W., Vlasák, J., & Dai, Y. C. (2022). Global diversity and systematics of Hymenochaetales with poroid hymenophore. *Fungal Diversity*, *113*(1), 1-192.d
- Yombiyeni, P., Balezi, A., Amalfi, M., & Decock, C. (2015). Hymenochaetales from the Guineo-Congolian rainforest: three new species of *Phylloporia* based on morphological, DNA sequences and ecological data. *Mycologia*, *107*(5), 996-1011.
- Zhou, L. W., & Dai, Y. C. (2012). Phylogeny and taxonomy of *Phylloporia* (Hymenochaetales): new species and a worldwide key to the genus. *Mycologia*, *104*(1), 211-222.

Zhou, M., Wu, F., Dai, Y. C., Vlasák, J. (2022). Two new species of *Phylloporia* (Hymenochaetales) from the Neotropics. *MycKeys*, 90, 7.

APÊNDICE A - Bloco com as configurações para análise de inferência bayesiana

```

begin mrbayes;
  charset Subset1 = 1-861;
  charset Subset2 = 862-1072;
  charset Subset3 = 1073-1341;
  charset Subset4 = 1342-1515;
  charset Subset5 = 1516-1644\3;
  charset Subset6 = 1896-2032\3 1517-1644\3;
  charset Subset7 = 1894-2032\3 1518-1644\3 1705-1839\3;
  charset Subset8 = 1840-1893 1645-1702;
  charset Subset9 = 1703-1839\3 1895-2032\3;
  charset Subset10 = 1704-1839\3;
  charset Subset11 = 2033-2770\3;
  charset Subset12 = 2034-2770\3;
  charset Subset13 = 2035-2770\3;

  partition PartitionFinder = 13: Subset1 (LSU), Subset2 (ITS1), Subset3 (58S), Subset4
  (ITS2), Subset5 (TEF1_1st), Subset6 (TEF3_3rd, TEF1_2nd), Subset7 (TEF3_1st, TEF1_3rd,
  TEF2_3rd), Subset8 (TEF_intron), Subset9 (TEF2_1st, TEF3_2nd), Subset10 (TEFx2_2nd,),
  Subset11 (RPB2_1st) , Subset12 (RPB2_2nd), Subset13 (RPB2_3rd);

  set partition=PartitionFinder;

  lset applyto=(1) nst=6 rates=invgamma;
  lset applyto=(2) nst=6 rates=invgamma;
  lset applyto=(3) nst=6 rates=invgamma;
  lset applyto=(4) nst=2 rates=gamma;
  lset applyto=(5) nst=6 rates=gamma;
  lset applyto=(6) nst=6 rates=propinv;
  lset applyto=(7) nst=6 rates=gamma;
  lset applyto=(8) nst=6 rates=invgamma;
  lset applyto=(9) nst=1 rates=invgamma;
  lset applyto=(10) nst=1 rates=propinv;
  prset applyto=(10) statefreqpr=fixed(equal);
  lset applyto=(11) nst=6 rates=propinv;
  lset applyto=(12) nst=6 rates=propinv;
  lset applyto=(13) nst=2 rates=gamma;
  prset applyto=(13) statefreqpr=fixed(equal);
  prset applyto=(all) ratepr=variable;

  unlink statefreq=(all) revmat=(all) shape=(all) pinvar=(all) tratio=(all)
  mcmc ngen=100000000 samplefreq=1000 printfreq=1000 diagnfreq=10000 nruns=2
  nchains=4;

  mcmc;

```

sump relburnin=yes burnfrac=0.25 nruns=2 outputname=bayes_concatenada.out;
 sumt relburnin=yes burnfrac=0.25 nruns=2 ntrees=1 contype=Halfcompat;
 end;

APÊNDICE B - Lista de espécies, localidade de origem, acessos aos números de sequências do genbank e informação dos hospedeiros conhecido

Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	Número de acesso			Hospedeiro conhecido
				LSU	TEF	RPB2	
<i>P. afrospathulata</i>							
MUCL 54511	Gabon	Isótipo		NG_059520			
MUCL 53983	Gabon			KJ743249			
<i>P. alyxiae</i>							<i>Alyxia insularis</i> Kaneh. & Sasaki
Chen 1182	Taiwan			LC514407			
GC 1604_28	Taiwan			LC514408			
<i>P. atlântica</i>							
JRF142	Brazil			MG738813			<i>Eschweilera cf. ovata</i> (Cambess.) Mart.
JRF151	Brazil			MG738814			
URM 91182	Brazil	Holótipo		NG_068815			
<i>P. beninensis</i>							<i>Trichilia emetica</i> (Forssk.) Vahl
OAB0511	Benin			MW244096			
OAB0107	Benin			MW244097			
OAB0142	Benin		MW244094	MW244099			
<i>P. bibulosa</i>							<i>Peristrophe bicalyculata</i> (Retz.) Nees
Ahmad 27088	None			AF411824			
<i>P. boldo</i>							<i>Peumus boldus</i> Molina
CIEFAPcc534	Chile			MK193756			
CIEFAPcc585	Chile			MK193757			
CIEFAPcc584	Chile			MK193758			
CIEFAPcc532	Chile			MK193759			
<i>P. capucina</i>							
Robledo 1610	Argentina			KJ651919			
<i>P. chrysites</i>							
MUCL 52763	México			HM635665			
MUCL 52764	México			HM635666			

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
MUCL 52862	México			HM635667			
NWLegon	Puerto Rico			AF411821			
<i>P. clausenae</i>							
Cui8463	China		MH151186	MH165868	MH167424	MH161 216	
Yuan 3528	China			KJ787795			
Dai 10831	China			KJ787796			
<i>P. crataegi</i> Raíces de <i>Crataegus</i> sp.							
Dai18133	China		MH151191	MH165865	MH167431	MH161 224	
Dai 11014	None			JF712922			
Dai 11016	None			JF712923			
<i>P. crystallina</i>							
JV2106_102	None		ON1295511	ON006467			
BJFC 038563	Ecuador	Holónimo_I TS	NR_182994				
<i>P. cylindrispora</i>							
Yuan 6144	China			KJ787797			
Yuan 6148	China			KJ787798			
<i>P. cystidiolophora</i>							
Dai13945	China			MG738798		MH161 226	
Dai13953	China			MG738799	MH167438	MH161 227	
BJFC 017683	China	Holónimo		NG_068812			
<i>P. dependens</i>							
Cui13763	China		MH151190	KX242353			
Dai 13167	China			KP698746			
BJFC 013379	China	Holónimo		NG_064385			
<i>P. elegans</i> <i>Eugenia</i> sp.							
FLOR 51178_1	Brazil		KJ639049	KJ631408			
FLOR 51179	Brazil		KJ639050	KJ631409			
FLOR 51178	Brazil	Holónimo		NG_060124			
<i>P. ephedrae</i> <i>Coto</i> sp. <i>Ephedra</i> sp. <i>Jasminum</i> sp.							
TAA 72_2	None			AF411826			
<i>P. flabelliforma</i> <i>Dichostemma glaucescens</i> Pierre <i>Anthostema aubryanum</i> Baill.							

Táxon/Espécimes	Localidade	Type	Número de acesso				Hospedeiro conhecido
			ITS	LSU	TEF	RPB2	
MUCL 55569	Gabon		KU198356	KU198349			
MUCL 55570	Gabon			KU198350			
MUCL 55570	Gabon	Holótipo_	NR_154332				
MUCL 55568	Gabon		KU198357				
MUCL 55568	Gabon	Holótipo		NG_059640			
<i>P. flacourtae</i>							
Yuan 6204	China			KJ787799			
Yuan 6360	China			KJ787800			
Yuan 6362	China			KJ787801			
Zhou 140	China			KJ787802			
<i>P. fontanesiae</i>							
LWZ 20191013_1	China			MN893895			
Cui12356	China		MH151188	MH165871			
Li 194	None			JF712924			
Li 199	None			JF712925			
<i>P. fulva</i>							
MUCL 54472	Gabon	Isótipo		NG_059519			
<i>P. gabonensis</i>							
MUCL 55572	Gabon		KU198354	KU1983521			
MUCL 55571	Gabon	Holótipo	NR_154331	NG_059641			
<i>P. gutta</i>							
Dai16070	China		MH151183	MH165863	MH167423	MH161 215	
Dai 4103	None			JF712926			
Dai 4197	None			JF712927			
Cui6945	China		MH151182		MH167422	MH161 214	
<i>P. hainaniana</i>							
Dai16142	China			MH165866	MH167437		
Dai 9460	None			JF712928			
<i>P. homocarnica</i>							
Yuan 5750	China		MH151195	KJ787803			
Yuan 5766	China			KJ787804			
<i>*P. imbricata ad int.</i>							
FLOR 79720	Brazil	Holótipo	Nova*	Nova*	Nova*	Nova*	

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
FLOR 79721	Brazil			Nova*	Nova*	Nova*	
<i>P. inonotoides</i>							<i>Crotonogyne manniana</i> Müll.Arg. <i>Garcinia cf. smeathmannii</i>
MUCL 54469	Gabon			KJ743251			
MUCL 54470	Gabon			KJ743252			
MUCL 54468	Gabon	Isótipo		NG_059521			
<i>P. lespedezae</i>							<i>Lepedeza</i> sp.
Dai17072	China			KY242600			
Dai17069	China			KY242601			
Dai17065	China		MH151179	KY242602	MH167419	MH161 211	
Dai17067	China		MH151180	KY242603	MH167420	MH161 212	
<i>P. littoralis</i>							<i>Nichallea</i> sp.
OAB0204	Benin		MW244095	MW244098			
MUCL56144	Gabon			KY349140			
MUCL56145	Gabon			KY349141			
<i>*P. lilliputiana</i> ad int.							<i>Amphilophium cf. crucigerum</i>
FLOR 79722	Brazil		Nova*	Nova*		Nova*	
FLOR 79723	Brazil		Nova*		Nova*	Nova*	
FLOR 79724	Brazil		Nova*	Nova*	Nova*	Nova*	
FLOR 79726	Brazil		Nova*	Nova*	Nova*	Nova*	
FLOR 79727	Brazil	Holótipo	Nova*	Nova*	Nova*	Nova*	
<i>P. loniceræ</i>							<i>Lonicera japonica</i> Thunb.
LWZ 20190809_1	China			MN893900			
LWZ 20190809_2	China			MN893899			
LWZ 20190819_1	China			MN893901			
Dai17898	China		MH151173	MG738800	MH167416	MH161 208	
Dai17899	China		MH151174	MG738801	MH167417	MH161 209	
Dai17900	China		MH151175	MG738802	MH167418	MH161 210	
IFP 019172	None	Holótipo		NG_060193			
LWZ 20161031_1	None			MG647803			
LWZ 20170227_1	None			MG647804			
LWZ 20170325_1	None			MG647805			
LWZ 20170622_1	None			MG647806			

Táxon/Espécimes	Localidade	Type	Número de acesso				Hospedeiro conhecido
			ITS	LSU	TEF	RPB2	
LWZ 20170703_1	None			MG647807			
LWZ 20170703_2	None			MG647808			
<i>P. manglietiae</i>							<i>Manglietia</i> sp.
Cui5497	China			MH165872	MH167435		
Cui 13709	China		MF410324	KX242358	MH167430	MH161223	
BJFC 020711	China	Holótipo		NG_060171			
<i>P. minuta</i>							<i>Doliocarpus schottianus</i> Eichler
FURB 55088	Brazil			MG264039			
FURB 55085	Brazil			MG264040			
FURB 55088	Brazil	Holótipo		NG_064479			
<i>P. minutipora</i>							
Dai16172	China			MH165873	MH167436		
Zhou20150531_13	China		MH151193		MH167432		
<i>P. minutispora</i>							<i>Celtis</i> sp.
Ipulet 706	None			JF712929			
MUCL 52865	Democratic Republic of the Congo			HM635671			
<i>P. minutissima</i>							
Dai 21223	China			MZ437408			
<i>P. montana</i>							
BDNA2409	Brazil		MH151177	MG738811			
BDNA2472	Brazil		MH151178	MG738812			
BDNA2388	Brazil		MH151176	MG738810			
VRTO85	Brazil		OL899482	OL901666			
VRTO753	Brazil		OL899481	OL901664			
VRTO847	Brazil			OL901665			
<i>P. mori</i>							<i>Morus</i> sp.
Wu 1105_2	Taiwan			LC514412			
Wu 1105_3	Taiwan			LC514413			
SS058	Taiwan			LC514414			
<i>P. moricola</i>							<i>Morus</i> sp.
Wu1807_1	China			LC589617			
Wu1807_5	China			LC589618			
Wu1807_6	China			LC589619			

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
<i>P. murrayae</i>							<i>Murraya paniculata</i> (L.) Jack
Wu 1404_4	Taiwan			LC514409			
Wu 1404_5	Taiwan			LC514410			
Wu 1404_6	Taiwan			LC514411			
<i>P. mutabilis</i>							
OAB0643	Benin		OR096158	OR096136	OR161068		
OAB0666	Benin		OR096159	OR096137	OR359376		
<i>P. nandinae</i>							
Dai 10588	China			JF712930			
Dai 10625	China			JF712931	MH167439	MH161 228	
<i>P. nodostipitata</i>							<i>Psidium cattleianum</i> Afzel. ex Sabine
FLOR 50447	Brazil			KJ631410			
FLOR 51237	Brazil			KJ631411			
FLOR 51173	Brazil		KJ639055	KJ631412			
FLOR 51175	Brazil			KJ631413			
FLOR 51153	Brazil		KJ639057	KJ631414			
<i>P. nouraguensis</i>							<i>Myrcia cf. guianensis</i>
MUCL_FG_11_400	Guyana			KC136222			
MUCL_FG_11_404	Guyana			KC136223			
MUCL_FG_11_409	Guyana			KC136224			
<i>P. oblongospora</i>							
Zhou 179	None		MH151197	JF712932			
<i>P. oreophila</i>							
Cui 2219	China		MH151196	JF712933			
Cui 9503	China			JF712934			
<i>P. osmanthi</i>							<i>Osmanthus</i> sp.
Yuan 5656	China			KF729938			
IFP Yuan 5655	China	Holótipo		NG_060120			
<i>P. parasítica</i>							<i>Myconia</i> sp.
Leif Ryvarden 19843	Argentina		KU198361				
<i>P. pectinata</i>							
R. Coveny 113	Austrália			AF411823			
113	Austrália		MH151181	MH165867	MH167421	MH161 213	

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
Robledo 429	Argentina			KJ651913			
Robledo 1134	Argentina			KJ651917			
Robledo 1624	Argentina			KJ651920			
None_1	None			JX484012			
<i>P. pendula</i>							
Dai16147	China		MH151187	MH165864	MH167425	MH161 217	
Cui 13876	China		MF410321	KX901670	MH167427	MH161 219	
Cui 13691	China		MF410320	KX242357	MH167426	MH161 218	
BJFC 020710	China	Holótipo	NR_158940	NG_060170			
<i>P. perangusta</i>							
Dai18139	China			MG738803	MH167413	MH161 204	
BJFC Dai18139	China	Holótipo	NR_171820				
BJFC 024159	China	Holótipo		NG_068813			
<i>*P. perdurans ad int.</i>							
FLOR 79731	Brazil		Nova*	Nova*			
<i>P. pseudopectinata</i>							
Cui 13746_1	China		MF410322	KX242355	MH167428	MH161 221	
Cui 13749_1	China			MH165870	MH167429	MH161 222	
Cui 13749_2	China		MF410323	KX242356			
BJFC 020713	China	Holótipo	NR_158941	NG_060169			
<i>P. pulla</i>							
LWZ 20190428_4	China			MN893896			
LWZ 20190428_3	China			MN893897			
LWZ 20190428_2	China			MN893898			
O6433	Thailand	Isótipo		MG738809			
<i>*P. quiinicola ad int.</i>							
							<i>Quiina glaziovii</i> Engl. <i>Quiina</i> sp.
FLOR 79729	Brazil	Holótipo	Nova*	Nova*	Nova*	Nova*	
FLOR 79730	Brazil		Nova*	Nova*	Nova*	Nova*	
FLOR 79728	Brazil		Nova*	Nova*		Nova*	
<i>P. radiata</i>							
LWZ 20141122_5	China			KU904470			
LWZ 20141122_19	China			KU904472			
LWZ 20141122_6	China	Holótipo		NG_068771			

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
<i>P. rajchenbergii</i>							
Valenzuela 13977	México			OP482250			
Raymundo 3979	México			OP482251			
<i>P. rattanicola</i>							
Dai18232	China		MH151170	MG738806	MH167414	MH161 205	
Dai18233	China		MH151171	MG738807		MH161 206	
Dai18235	China		MH151172	MG738808	MH167415	MH161 207	
BJFC Dai 18235	China	Holótipo	NR_171821	NG_075235			
<i>P. ribis</i>							
							<i>Ribesspp</i> sp. <i>Euonymus</i> sp.
LIP F09041	France			MN239483			
MUCL s_n	France			KU358724			
<i>P. rinorea</i>							
							<i>Rinorea</i> sp. Aubl.
MUCL Rinorea sp.	Gabon			KY3491561			
<i>P. rubiacearum</i>							
Chen 3580	Taiwan			LC514415			
Chen 3583	Taiwan			LC514416			
Chen 3584	Taiwan			LC514417			
Chen 3585	Taiwan			LC514418			
<i>P. ryvardenii</i>							
EAA III 48	México						
III 71	México						
<i>P. rzedowskii</i>							
							<i>Hybanthus mexicanus</i> Ging.
MUCL 52868	México			HM635672			
MUCL 52859	México			HM635673			
MUCL 52860	México			HM635674			
MUCL 52861	México			HM635675			
<i>P. solicola</i>							
JRF145	Brazil			MG738815			
VRTO739	None		OL899487	OL901672			
<i>Phylloporia</i> sp.							
FLOR 51239	Brazil		KJ639052	KJ631407			
Robledo 1467	Argentina			KJ651918			
Robledo281	Argentina		MG489955		MK265764		

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
Robledo218	Argentina		MG489954		MK265761		
MUCL 56283	Gabon			MN243144			
MUCL 57328	Gabon			MN243146			
MUCL GA_12_813	Gabon			KJ743253			
MUCL GA_12_846	Gabon			KJ743254			
MUCL GA_12_816	Gabon			KJ743255			
MUCL GA_12_814	Gabon			KJ743256			
MUCL GA_12	Gabon			KJ743257			
ISA_117	Brazil			KJ743271			
ISA_333	Brazil			KJ743272			
ISA_610	Brazil			KJ743273			
ISA_555	Brazil			KJ743274			
ISA_G70	Brazil			KJ743275			
MUCL FG12_670	French Guiana			KJ743262			
MUCL FG13	French Guiana			KJ743263			
MUCL FG13_722	French Guiana			KJ743264			
MUCL FG11_506	French Guiana			KJ743258			
MUCL FG12_522	French Guiana			KJ743259			
MUCL FG12_523	French Guiana			KJ743260			
ISA_553	Brazil			KJ743266			
ISA_352	Brazil			KJ743267			
MUCL 54288	Brazil			KJ743268			
MUCL 54295	Brazil			KJ743269			
FG10_321	French Guiana			KJ743277			
ISA007	Brazil			KJ743265			
KE_15_02	Kenya			KU358722			
KE_15_19	Kenya			KU358723			
Dai 9257	China			KU904464			
LWZ 20150531_13	China			KU904465			
LWZ 20150531_14	China			KU904466			
LWZ_2016	China			KU904467			
MUCL 43733	Cuba			KJ743278			
MUCL 45062	Cuba			KJ743284			
MUCL 52864_1	Ecuador			KJ743276			

Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	Número de acesso			
				LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
MUCL 52864_2	Ecuador			HM635676			
MUCL 53433	México			KC136231			
MUCL 54226	Brazil			KJ743270			
MUCL CU05_249	Cuba			KJ743282			
MUCL FG_10	French Guiana			KY349159			
MUCL FG_15_959	French Guiana			KY349157			
MUCL FG_15_961	French Guiana			KY349158			
MUCL FG10_321	French Guiana			KY349139			
MUCL FG11_462	French Guiana			KY349153			
MUCL FG13_726	French Guiana			KJ743279			
MUCL FG13_749	French Guiana			KJ743280			
MUCL FG13_754	French Guiana			KJ743261			
MUCL FG15_930	French Guiana			KY363574			
MUCL FG15_932	French Guiana			KY363573			
MUCL GA12_812	Gabon			KJ743281			
MUCL KE_15_02	Kenya			KY349155			
MUCL KE_15_19	Kenya			KY349154			
MUCL KE_16_107	Kenya			KY349147			
MUCL KE_16_109	Kenya			KY349148			
MUCL MA15_126	Martinique			KY349151			
MUCL MA15_127	Martinique			KY349152			
MUCL MA15_96	Martinique			KY349149			
MUCL MA15_97	Martinique			KY349150			
MUCL MA16_165	Martinique			KY349142			
MUCL MA16_217	Martinique			KY349143			
MUCL MA16_218	Martinique			KY349144			
MUCL MA16_219	Martinique			KY349145			
MUCL MA16_223	Martinique			KY349146			
MUCL Rinorea sp.	Gabon			KY349156			
MUCL YOM5	Gabon			KJ743283			
MUCL_FG_11_462	Guyana			KC136228			
MUCL_FG_11_506	Guyana			KC136227			
MUCL_GA_06_166	Gabon			KC136229			
MUCL_YOM_47	Gabon			KC136230			

Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	Número de acesso			Hospedeiro conhecido
				LSU	TEF	RPB2	
Robledo 1220	Argentina			KC136225	MK265758		
Robledo 351	Argentina			KC136226			
Robledo 526	Argentina			KJ651914			
Robledo 527	Argentina			KJ651915			
Robledo 968	Argentina			KJ651916			
Robledo2984	Argentina			MG457809	MK265757		
Urceley628	Argentina			MG457810	MK265760		
Robledo2769	Argentina			MG457811	MK265751		
Robledo2812	Argentina			MG457812	MK265768		
FLOR 51258	Brazil			KJ631406			
<i>P. spathulata</i>							
None	None			AF411822			
Robledo 1790	Argentina			KJ651921			
<i>P. splendida</i>							
Cui8429	China			MG738804			
Dai6282	China			MG738805			
BJFC 006918	China	Holótipo		NG_068814			
<i>P. subpulla</i>							
Dai 9627	China			KU904469			
Cui 5251	China	Holótipo		KU904468			
<i>P. sumacoensis</i>							
JV2109_73	None		ON1295521	ON006468			
<i>P. tabernaemontanae</i>							
Dai 18853	Australia			MZ437410			
Dai 18852	Austrália			MZ437409			
BJFC 027320	None	Holótipo		NG_088255			
<i>P. tamilnadensis</i>							<i>Catunaregam spinosa</i> (Thunb.) Tirveng.
MUCL57837	India			MN525279			
MUCL 57838	India			MN525278			
<i>P. terrestris</i>							
He2359	China		MH151189	MH165869		MH161 220	
IFP Yuan 5738	China	Holótipo		NG_060110			
<i>P. tiliae</i>							

Número de acceso							
Táxon/Espécimes	Localidade	Type	ITS	LSU	TEF	RPB2	Hospedeiro conhecido
Cui 11306	China		MF410325	KX242354			
Yuan 5491	China			KJ787805			
<i>P. ulloai</i>							
MUCL 52870	México			HM635679			
MUCL 52866	México			HM635677			
MUCL 52867	México			HM635678			
<i>P. weberiana</i>							
Dai 9242	None			JF712936			
<i>P. yuchengii</i>							
YG343	Uzbekistan			MT524582			
YG_J5	Uzbekistan		MT526344	MT524584			
YG_J10	Uzbekistan			MT524585			
YG_J11	Uzbekistan			MT524586			
YG1011	Uzbekistan			MT524587			
YG 051	Uzbekistan			KM264325			
YG1093	Uzbekistan			MT524583			
YG043	Uzbekistan		MT526343	MT524581			
TASM YG 033	Uzbekistan	Holótipo		NG_060132			
<i>Fomitiporia nubicola</i>							
FLOR 57850	Brazil	Holótipo	KU663303	KU663275	KU663328	KU663352	
<i>Fulvifomes elaeodendri</i>							
CMW47825	South Africa		MH599094	MH599134	MT108964		
<i>Phellinotus teixeirae</i>							
USM 258362	Peru		MZ954854	MZ964975	OK000621	OK000626	
<i>Fomitiporella chinensis</i>							
Cui 11230	China		KX181309	KY693759	KY693958	KY693910	

ANEXO A - Protocolo otimizado para amplificar as regiões abaixo com DNA extraído de *Phylloporia*, Hymenochaetaceae (extraído do basidioma)

nLSU (volume de 25 µL)

Configurações da PCR 1x (MM*: 13 µL; LR0R: 0,5 µL; LR7: 0,5 µL; 9 µL de água e 2 µL DNA).

ITS (volume de 25 µL)

Configurações da PCR 1x (MM*: 13 µL; ITS6R: 0,5 µL; ITS8F: 0,5 µL; 9 µL de água e 2 µL DNA).

TEF1- α (volume de 25 µL)

Configurações da PCR 1x (MM*: 13 µL; EF1-983F: 0,5 µL; EF1-1567R: 0,5 µL; 7 µL de água e 4 µL DNA).

RPB2 (volume de 50 µL)

Configurações da PCR 1x (MM*: 26 µL; fRPB2-5F: 1 µL; bR PB2-7.1R: 1 µL; 16 µL de água e 6 µL DNA).

* MM: master mix (2X PCR Taq MasterMix); contém Taq DNA polimerase, dNTPs, MgCl₂ e tampões.