



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CARIRI
PROGRAMA MULTICÊNTRICO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA
E BIOLOGIA MOLECULAR

DHENES FERREIRA ANTUNES

DIVERSIDADE DE ESPÉCIES DE *Lasiodiplodia* ASSOCIADAS ÀS
PODRIDÕES APICAL E ESTILAR DA GOIABA

BARBALHA - CE

2026

DHENES FERREIRA ANTUNES

**DIVERSIDADE DE ESPÉCIES DE *Lasiodiplodia* ASSOCIADAS ÀS
PODRIDÕES APICAL E ESTILAR DA GOIABA**

Dissertação apresentado ao Programa Multicêntrico de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular da Universidade Federal do Cariri – UFCA, como parte dos requisitos para obtenção do título de mestre em Bioquímica e Biologia Molecular. Área de concentração: Bioquímica e Biologia Molecular.

Orientadora: Profa. Dra. Kamila Câmara Correia

Coorientadores: Prof. Dr. Sami Jorge Michereff
Dr. Ailton Reis

BARBALHA - CE

2026

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação Universidade
Federal do Cariri
Sistema de Bibliotecas

A636d Antunes, Dhenes Ferreira.

Diversidade de espécies de Lasiodiplodia associadas às podridões apical e estilar da goiaba / Dhenes Ferreira Antunes. – Barbalha, CE, 2026.
45 f. : il. color.

Dissertação (Mestrado em Bioquímica e Biologia Molecular) – Universidade Federal do Cariri (UFCA), Programa Multicêntrico de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular (PMBqBM), Barbalha, CE, 2026.

Orientadora: Prof^a. Dra. Kamila Câmara Correia. Coorientador:
Prof. Dr. Sami Jorge Michereff, Dr. Ailton Reis.

1. Psidium guajava. 2. Doenças pós-colheita. 3. Botryosphaeriaceae. 4. Filogenia molecular. I. Correia, Kamila Câmara (Orient.). II. Michereff, Sami Jorge (Coorient.). III. Reis, Ailton (Coorient.). IV. Universidade Federal do Cariri. V. Programa Multicêntrico de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular. VI. Título.

CDD 572.8

DHENES FERREIRA ANTUNES

**DIVERSIDADE DE ESPÉCIES DE *Lasiodiplodia* ASSOCIADAS ÀS
PODRIDÕES APICAL E ESTILAR DA GOIABA**

Dissertação apresentada ao Programa Multicêntrico de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular da Universidade Federal do Cariri – UFCA, como parte dos requisitos para obtenção do título de mestre em Bioquímica e Biologia Molecular. Área de concentração: Bioquímica e Biologia Molecular.

Aprovada em: 27/05/2026

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Kamila Câmara Correia – Orientadora (UFCA)

Prof. Dr. Heberty di Tarso Fernandes Facundo (UFCA)

Prof. Dr. Francisco Nascimento Pereira Junior (UFCA)

Profa. Dra. Zildene de Souza Silveira (UFPE)

A mim mesmo, por não desistir dos meus sonhos, mesmo diante das dificuldades. Minha caminhada no mestrado foi marcada por desafios, mas cada um deles contribuiu para o meu crescimento. Hoje, reconheço minha força, resiliência e determinação. Esta conquista é a prova de que vale a pena acreditar em si mesmo.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, por me abençoar, me guiar e me dar forças para enfrentar esta caminhada até aqui, permitindo a realização de um grande sonho: ser o primeiro da minha família a conquistar o título de mestre.

Aos meus pais, Lucia Ferreira Antunes e Antonio Lino Antunes, por todo amor, apoio e incentivo em todas as minhas decisões, especialmente por serem exemplo de que a educação é transformadora. Mesmo sendo analfabetos e não tendo tido acesso à escolarização, sempre me incentivaram a estudar, a buscar crescimento e a acreditar que o conhecimento pode mudar vidas.

Ao meu noivo, Ivo Gustavo, por ser essencial em minha vida, meu companheiro em todos os momentos, por me aconselhar nas horas difíceis e por caminhar ao meu lado durante toda essa trajetória, acreditando em mim até mesmo quando eu duvidei. Obrigado, meu amor, por me incentivar, me apoiar e contribuir para a realização deste sonho.

À professora Dra. Kamila Câmara Correia, minha orientadora, e ao professor Dr. Sami Jorge Micherreff, meu coorientador, por serem profissionais exemplares, pela orientação, pelo apoio constante e por todo o suporte oferecido ao longo desta pesquisa. Agradeço também por terem me acolhido no Laboratório de Fitopatologia da Universidade Federal do Cariri (UFCA). Sou profundamente grato pelos ensinamentos e por todo o conhecimento compartilhado.

À equipe do Laboratório de Fitopatologia: Rizelle, Wilson, Jaiane, Ivna, Milca, Rafael, Marcos, Diego, Joel, Josué, Raquel, Hugo, Keliane, Mirley, Joice, Carol, Evilin, Isadora e Liciania. Agradeço pela convivência, pelo trabalho em equipe e pela valiosa troca de conhecimentos. Sou muito grato pela oportunidade de conhecer e aprender com cada um de vocês.

Ao Programa Multicêntrico de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular (PMBqBM) da Universidade Federal do Cariri (UFCA), pela formação acadêmica proporcionada.

À Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico (FUNCAP), pela concessão de bolsa na pós-graduação e pelo apoio financeiro ao longo da realização desta pesquisa.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho, o meu sincero agradecimento.

RESUMO

A podridão apical e a podridão estilar estão entre as principais doenças pós-colheita da goiabeira (*Psidium guajava*), comprometendo severamente a qualidade dos frutos e reduzindo sua vida útil, resultando em perdas econômicas significativas. Essas podridões têm sido associadas a fungos da família Botryosphaeriaceae, dentre os quais do gênero *Lasiodiplodia*, que se destaca por sua ampla diversidade ecológica, elevada variabilidade genética e reconhecida complexidade taxonômica. Apesar de sua importância fitopatológica, ainda são escassos, em nível mundial, estudos que utilizem ferramentas moleculares para identificar as espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar da goiaba, evidenciando uma lacuna significativa de conhecimento. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo caracterizar a diversidade de espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar de frutos de goiabeira no Nordeste brasileiro, com base em análises filogenéticas inferidas a partir de sequências da região do espaçador interno transcrito (ITS) e dos genes fator de alongamento 1-alfa (EF1- α) e β -tubulina (TUB2). Para isso, foram obtidos 53 isolados de *Lasiodiplodia* provenientes de frutos coletados em 13 municípios dos estados do Ceará, Pernambuco e Rio Grande do Norte. O DNA genômico dos isolados foi extraído, seguido da amplificação da região ITS e dos genes EF1- α e TUB2 por reação em cadeia da polimerase (PCR). Os amplicons foram purificados, sequenciados e comparados com sequências de referência de espécies de *Lasiodiplodia* disponíveis no GenBank. As relações filogenéticas foram inferidas pelo método de Máxima Verossimilhança. A análise filogenética permitiu identificar seis espécies: *L. brasiliensis*, *L. euphorbiaceicola*, *L. hormozganensis*, *L. iraniensis*, *L. pseudotheobromae* e *L. theobromae*. Um dos isolados não se agrupou em nenhum dos clados correspondentes a espécies reconhecidas do gênero. *Lasiodiplodia brasiliensis* foi a espécie mais frequente, representando 43,4% dos isolados, seguida por *L. theobromae* (17%), *L. pseudotheobromae* (15%) e *L. hormozganensis* (13,2%). A identificação dessas espécies constitui o primeiro registro de sua associação com a goiaba no Brasil. Adicionalmente, este estudo relata pela primeira vez, em escala mundial, a associação de *L. brasiliensis* e *L. euphorbiaceicola* com podridões em frutos de goiaba. Os resultados ampliam de forma significativa o conhecimento sobre a diversidade de espécies de *Lasiodiplodia* associadas à goiabeira e indicam que esse patossistema é mais complexo do que anteriormente reconhecido.

Palavras-chave: *Psidium guajava*. Doenças pós-colheita. Botryosphaeriaceae. Filogenia molecular. ITS. EF1- α . TUB2.

ABSTRACT

Stem-end rot and stylar-end rot are among the main postharvest diseases of guava (*Psidium guajava*), severely compromising fruit quality and reducing shelf life, resulting in significant economic losses. These rots have been associated with fungi of the Botryosphaeriaceae family, including the genus *Lasiodiplodia*, which stands out for its wide ecological diversity, high genetic variability, and recognized taxonomic complexity. Despite its phytopathological importance, studies using molecular tools to identify *Lasiodiplodia* species associated with stem-end and stylar-end rots in guava are still scarce worldwide, highlighting a significant knowledge gap. In this context, the present study aimed to characterize the diversity of *Lasiodiplodia* species associated with stem-end and stylar-end rots of guava fruits in Northeast Brazil, based on phylogenetic analyses inferred from sequences of the internal spacer transcript (ITS) region and the elongation factor 1-alpha (EF1- α) and β -tubulin (TUB2) genes. To this end, 53 *Lasiodiplodia* isolates were obtained from fruits collected in 13 municipalities in the states of Ceará, Pernambuco, and Rio Grande do Norte. Genomic DNA from the isolates was extracted, followed by amplification of the ITS region and the EF1- α and TUB2 genes by polymerase chain reaction (PCR). The amplicons were purified, sequenced, and compared with reference sequences of *Lasiodiplodia* species available in GenBank. Phylogenetic relationships were inferred using the Maximum Likelihood method. Phylogenetic analysis identified six species: *L. brasiliensis*, *L. euphorbiaceicola*, *L. hormozganensis*, *L. iraniensis*, *L. pseudotheobromae*, and *L. theobromae*. One isolate did not group into any of the clades corresponding to recognized species of the genus. *Lasiodiplodia brasiliensis* was the most frequent species, representing 43.4% of the isolates, followed by *L. theobromae* (17%), *L. pseudotheobromae* (15%), and *L. hormozganensis* (13.2%). The identification of these species constitutes the first record of their association with guava in Brazil. Additionally, this study reports, for the first time worldwide, the association of *L. brasiliensis* and *L. euphorbiaceicola* with rots in guava fruits. The results significantly expand our knowledge of the diversity of *Lasiodiplodia* species associated with guava fruits and indicate that this pathosystem is more complex than previously recognized.

Keywords: *Psidium guajava*. Postharvest diseases. Botryosphaeriaceae. Molecular phylogeny. ITS. EF1- α . TUB2.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 –	Sintomas de podridão apical (A) e podridão estilar (B) em frutos de goiaba .	19
Figura 2 –	Árvore filogenética baseada na análise da Máxima Verossimilhança das sequências da região ITS e de partes dos genes EF1- α e TUB2 dos isolados de <i>Lasiodiplodia</i> desse estudo. Os valores de bootstrap são mostrados nos ramos. As sequências dos isolados deste estudo estão em negrito	32
Figura 3 –	Frequência de espécies de <i>Lasiodiplodia</i> detectadas em frutos de goiaba com podridões apical e estilar no Nordeste brasileiro	35
Figura 4 –	Número e frequência de municípios do Nordeste brasileiro em que espécies de <i>Lasiodiplodia</i> foram constatadas em frutos de goiaba com podridões apical e estilar	35

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Isolados de Botryosphaeriaceae derivados do GenBank incluídos nas análises filogenéticas	28
Tabela 2 – Isolados de <i>Lasiodiplodia</i> coletados de goiaba no Nordeste brasileiro	30

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BDA	Batata-dextrose-ágar
CFC	Coleção de Culturas de Fungos Fitopatogênicos do Cariri
DNA	Ácido desoxirribonucleico
EDTA	Ácido etilenodiamino tetra-acético
EF1- α	Fator de alongamento 1-alfa
EUA	Estados Unidos da América
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
ITS	Espaçador transcrito interno
LSU	Maior subunidade do DNA ribossomal
ML	Máxima verossimilhança
NaOCl	Hipoclorito de sódio
NCBI	National Center of Biotechnological Information
PCR	Reação em cadeia da polimerase
rDNA	Ácido desoxirribonucleico ribossomal
RPB2	Segunda maior subunidade da RNA polimerase II
SSU	Menor subunidade do DNA ribossomal
TAE	Tampão tris-acetato-EDTA
TUB2	β -tubulina
UV	Ultravioleta

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1	Goiabeira	14
2.2	Importância da produção de goiaba	15
2.3	Doenças da goiabeira	17
2.4	Podridões apical e estilar da goiaba	18
2.5	Família Botryosphaeriaceae e identificação molecular	19
2.6	Espécies de Botryosphaeriaceae associadas às podridões apical e estilar da goiaba	21
2.7	Gênero <i>Lasiodiplodia</i> e as podridões da goiaba	22
3	OBJETIVOS	24
3.1	Objetivo geral	24
3.2	Objetivos específicos	24
4	MATERIAL E MÉTODOS	25
4.1	Coleta de amostras e isolamento dos fungos	25
4.2	Extração do DNA, PCR e sequenciamento	26
4.3	Análises filogenéticas	27
5	RESULTADOS	30
6	DISCUSSÃO	36
7	CONCLUSÕES	40
	REFERÊNCIAS	41

1 INTRODUÇÃO

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma frutífera tropical de elevada relevância econômica, social e nutricional, amplamente cultivada em regiões tropicais e subtropicais do mundo. A região Nordeste tem uma participação expressiva na produção brasileira de goiaba, desempenhando papel estratégico na geração de emprego e renda. A ampla aceitação do fruto nos mercados interno e externo, associada à sua versatilidade de uso e ao elevado valor nutricional, tem impulsionado a expansão das áreas cultivadas e o fortalecimento da cadeia produtiva da goiaba no semiárido brasileiro (Castro; Ribeiro, 2020).

Entretanto, a intensificação dos sistemas de produção tem sido acompanhada pelo aumento da incidência de doenças, especialmente as que afetam os frutos e comprometem sua qualidade e vida útil (Misra, 2021; Ventura *et al.*, 2024). A podridão apical e podridão estilar têm se destacado entre as doenças que causam perdas significativas durante o armazenamento, o transporte e a comercialização de frutos de goiaba. Essas enfermidades caracterizam-se pela ocorrência de infecções quiescentes, que se manifestam no estágio de maturação e na pós-colheita. Essas podridões estão associadas a fungos da família Botryosphaeriaceae, dentre os quais ao gênero *Lasiodiplodia* (Fischer *et al.*, 2017; Ventura *et al.*, 2024), reconhecido por sua ampla diversidade ecológica, elevada variabilidade genética e complexidade taxonômica (Phillips *et al.*, 2013).

Durante muitos anos, a identificação dos agentes causais das podridões apical e estilar da goiaba baseou-se somente em características morfológicas, o que, atualmente, é considerado inadequado devido à ocorrência de espécies crípticas e de diferentes táxons que apresentam características morfológicas sobrepostas (Nogueira Júnior *et al.*, 2016). O uso de ferramentas moleculares e de análises filogenéticas multilocus tem permitido maior precisão na delimitação de espécies de *Lasiodiplodia* (Phillips *et al.*, 2013; Slippers *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2021; Rathnayaka *et al.*, 2023). Apesar disso, os estudos que empregam identificação molecular para caracterizar as espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar da goiaba ainda são escassos em nível mundial, evidenciando uma lacuna relevante no conhecimento fitopatológico da cultura.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Goiabeira

O gênero *Psidium* pertence à família Myrtaceae e atualmente é composto por 78 espécies (RBG, 2025). Trata-se de um gênero amplo e de expressiva importância econômica, figurando como o quarto mais rico em número de espécies da família Myrtaceae nos Neotrópicos (Proença *et al.*, 2022). No Brasil, *Psidium* ocorre principalmente nos biomas Mata Atlântica, Cerrado e Caatinga, onde há cerca de 50 espécies, sendo o país reconhecido como o principal centro de diversidade do gênero (Landrum, 2021).

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é uma frutífera perene, originária das Américas do Sul e Central (Landrum, 2021), que atualmente é cultivada em escala global, sobretudo em países de clima tropical e subtropical (Ballen; Evans, 2021). Adapta-se a altitudes que variam do nível do mar até cerca de 2.000 metros, em uma ampla diversidade de climas e solos. Seu desenvolvimento é favorecido por precipitação anual entre 1.000 e 2.000 mm e por temperaturas médias entre 20 e 30 °C (Parra Coronado, 2015).

A goiabeira é uma árvore de pequeno porte ou um arbusto ramificado, podendo atingir entre 3 e 10 m de altura. O tronco apresenta até 30 cm de diâmetro, é lenhoso e áspero, com casca lisa, clara e manchada, que se desprende em finas escamas (Barbosa; Lima, 2010; Rojas-Sandoval; Acevedo-Rodríguez, 2013). O sistema radicular é constituído por raízes amplamente distribuídas, que podem se aproximar da superfície do solo quando a planta está sob elevada carga de frutos. Os ramos podem apresentar crescimento ascendente ou pendente, conferindo à planta diferentes conformações de copa (Paull; Duarte, 2012; Landrum, 2021; Semwal *et al.*, 2024). As folhas adultas são opostas, com pontuações translúcidas, pecíolo arredondado e coloração verde-amarelada, medindo de 5 a 18 cm de comprimento e de 3,5 a 6,5 cm de largura, com formato oval, oblongo ou elíptico (Carvalho *et al.*, 2024).

As flores são bissexuais, medindo entre 2,5 e 3,0 cm de diâmetro, de posição axilar, pediceladas, epíginas e actinomorfas. Apresentam de quatro a cinco pétalas brancas, com comprimento de 1 a 2 cm, e cálice verde. Os estames são numerosos, com comprimento de 1 a 2 cm. O ovário é tetra- ou pentalocular, enquanto o estilo mede de 1,5 a 2 cm e apresenta estigma capitado (Rojas-Sandoval; Acevedo-Rodríguez, 2013; Landrum, 2021). A espécie apresenta sistema reprodutivo predominantemente autógamo, com elevada taxa de autopolinização, variando entre 60 e 75%, e cerca de 35% de polinização cruzada (Siqueira *et al.*, 2012). A abelha *Apis mellifera* L. é o principal agente polinizador (Barbosa; Lima, 2010).

A frutificação inicia-se entre o segundo e o terceiro ano após o plantio, quando o pomar é implantado com mudas provenientes de sementes. Pomares de goiabeira implantados com mudas propagadas vegetativamente, por estaca ou por enxertia, iniciam a frutificação com até 7 ou 8 meses de idade, após o transplante para o local definitivo (Barbosa; Lima, 2010). Os frutos são do tipo baga, com formato globoso, ovoides ou piriformes, com dimensões de 4 a 12 cm de comprimento e de 5 a 7 cm de largura. O peso dos frutos pode variar entre 42 e 280 g (Barbosa; Lima, 2010; Rojas-Sandoval; Acevedo-Rodríguez, 2013; Landrum, 2021). A polpa pode apresentar coloração amarelada, branca ou vermelha, além de aroma suave e agradável (Rojas-Sandoval; Acevedo-Rodríguez, 2013; Angulo-López *et al.*, 2021).

As sementes são numerosas, de coloração amarelo-clara a creme, ósseas, reniformes e achatadas, medindo entre 3 e 5 mm de comprimento e entre 2 e 3 mm de largura. O número de sementes por fruto varia de 100 a 500, correspondendo a aproximadamente 1,6 a 4% do peso total do fruto (Rojas-Sandoval; Acevedo-Rodríguez, 2013; Landrum, 2021).

As cultivares de goiabeira apresentam ampla variabilidade quanto a características morfológicas, produtivas e comerciais, incluindo o formato da copa (ereta ou esparramada), a produtividade, a época de início de produção (precoce, de meia-estação ou tardia), bem como o número, o tamanho, o formato e a coloração dos frutos. Essas cultivares também se diferenciam de acordo com a finalidade de uso, seja para consumo *in natura* ou para a industrialização (Mitra, 2021). Entre as principais cultivares utilizadas pelos produtores brasileiros, destacam-se ‘Paluma’, ‘Kumagai’, ‘Pedro Sato’, ‘Sassaoka’ e ‘Rica’. Dentre elas, ‘Paluma’ é a mais amplamente cultivada no país, caracterizando-se pela polpa de coloração vermelha-intensa e pela aptidão tanto para o processamento industrial quanto para o consumo *in natura*. A cultivar ‘Kumagai’ também se sobressai, apresentando frutos de polpa branca, destinados ao consumo *in natura* (Barbosa; Lima, 2010).

2.2 Importância da produção de goiaba

A goiabeira é uma importante espécie frutífera, cujo fruto, a goiaba, é amplamente consumido em escala global, apresentando elevado potencial produtivo e expressiva relevância para os mercados brasileiro e internacional, o que confere à cultura significativo valor econômico (Souza *et al.*, 2024). Esse destaque está associado, sobretudo, à versatilidade de uso do fruto, que pode ser destinado a diferentes formas de consumo e processamento, atendendo à crescente demanda estimulada por tendências contemporâneas voltadas à adoção de hábitos alimentares mais saudáveis (Nobre *et al.*, 2020).

Do ponto de vista nutricional, a goiaba apresenta baixo teor de carboidratos, lipídios e proteínas, além de elevado teor de água. Destaca-se também pela presença de sais minerais, como cálcio e fósforo, e por ser rica em vitaminas A, B1, B2, B6 e, especialmente, vitamina C (Bhattacharjee; Tandon, 2021).

A espécie também se destaca pelo amplo aproveitamento de diferentes partes da planta, incluindo frutos, folhas, flores, raízes, casca e caules, que contêm compostos fenólicos, ácido ascórbico, carotenoides, licopeno, compostos orgânicos voláteis e outros metabólitos de interesse biológico. Esses compostos apresentam propriedades antimicrobianas, anti-inflamatórias e antioxidantes, além de potencial para a prevenção de doenças crônicas e degenerativas (Santos *et al.*, 2017).

Sensorialmente, a goiaba apresenta sabor agri-doce e aroma intenso e agradável, atribuídos principalmente à presença de ésteres e terpenos, características que aumentam sua atratividade para o consumidor. O fruto pode ser consumido in natura ou processado pela agroindústria em uma ampla variedade de produtos, como saladas minimamente processadas, sucos, néctares, bolos, purês, concentrados, geleias e gelatinas, entre outros (Bhattacharjee; Tandon, 2021).

A cultura da goiabeira tem importância estratégica para países em desenvolvimento, pelo potencial de geração de emprego e renda, bem como pela contribuição à segurança alimentar por meio da valorização de subprodutos (ITFNet, 2024). Sua popularidade também se deve à disponibilidade ao longo de todo o ano, ao preço acessível, à facilidade de transporte e de manuseio e à ampla aceitação pelos consumidores (Methela *et al.*, 2019).

Devido à informalidade associada à cadeia produtiva da goiaba, diversos países produtores não realizam a coleta sistemática e padronizada de dados de produção. Ainda assim, estima-se que a goiaba seja cultivada em mais de 60 países, com produção anual global de cerca de 55 milhões de toneladas. A Ásia concentra a maior parte dessa produção, respondendo por 81,7% do total mundial, seguida pela América do Sul (8,5%), pela África (6,5%) e pela América Central e Caribe (3,3%) (Ballen; Evans, 2021). Em 2023, a Índia foi a maior produtora mundial, com aproximadamente 26,3 milhões de toneladas, seguida da Indonésia (4,1 milhões de toneladas), da China (3,8 milhões de toneladas), do México (2,7 milhões de toneladas) e do Paquistão (2,3 milhões de toneladas) (Tridge, 2026).

A produção brasileira de goiaba atingiu 557,2 mil toneladas em 2024, com predominância do Nordeste, responsável por cerca de 49% do total colhido no país. Os principais estados produtores foram Pernambuco (189 mil toneladas), São Paulo (170 mil toneladas), Bahia (47 mil toneladas), Paraná (42 mil toneladas) e Ceará (27 mil toneladas) (IBGE, 2026).

A produção de goiaba no Nordeste brasileiro apresenta elevada relevância econômica, social e estratégica, especialmente pela boa adaptação da cultura às condições edafoclimáticas do Semiárido. A goiabeira tolera altas temperaturas e responde bem à irrigação, possibilitando produtividades elevadas e colheitas distribuídas ao longo do ano em polos irrigados, o que a torna particularmente atrativa para regiões com restrição hídrica e contribui para a estabilidade produtiva e para a diversificação da fruticultura regional (Castro; Ribeiro, 2020). Do ponto de vista econômico, a produção atende tanto ao mercado *in natura* quanto à agroindústria, sendo amplamente utilizada no processamento de polpas, sucos, doces e goiabadas. Além disso, a cadeia produtiva da goiaba possui expressiva importância social por ser intensiva em mão de obra nas etapas de manejo, poda, colheita e processamento, destacando-se como fonte de renda para agricultores familiares, cooperativas e pequenas agroindústrias, além de contribuir para a geração de empregos, a segurança alimentar, a fixação do produtor no meio rural e o fortalecimento de estratégias de desenvolvimento rural sustentável no Semiárido (Castro; Ribeiro, 2020).

2.3 Doenças da goiabeira

Apesar da expressiva expansão da cultura da goiabeira no Brasil, a produção ainda é comprometida por diversos fatores, entre os quais destacam-se as doenças que acometem a planta (Ventura *et al.*, 2024). Cerca de 177 patógenos são relatados em várias partes da goiabeira, ocorrendo em diferentes órgãos da planta ou relacionados diretamente aos frutos. Desses, 167 correspondem a fungos, três a bactérias, três a algas, três a nematoides e um a um epífito. Em termos de distribuição nos tecidos vegetais, cerca de 91 patógenos foram relatados em frutos, 42 na folhagem, 18 em ramos, 18 em raízes, além de 17 espécies fúngicas isoladas por meio da lavagem superficial dos frutos. Esses agentes estão associados a uma ampla gama de doenças, incluindo podridões pré- e pós-colheita dos frutos, antracnose, cancro, murcha, seca e morte de ramos, secamento de galhos, manchas e queima foliar, ferrugem, fumagina, queima de mudas e tombamento de plântulas (Misra, 2021).

As doenças de origem fúngica que afetam os frutos constituem uma das principais causas de perdas econômicas, tanto em condições de campo quanto na fase pós-colheita da goiaba (Lim; Manicom, 2003; Misra, 2021; Ventura *et al.*, 2024). No Brasil, as principais doenças fúngicas que acometem os frutos da goiabeira incluem a antracnose, causada por diferentes espécies do gênero *Colletotrichum*; a ferrugem, provocada por *Austropuccinia psidii* (Winter) Beenken; a verrugose, associada a *Sphaceloma psidii* Bit. & Jenk.; o cancro do fruto,

causado por *Pestalotiopsis psidii* (Pat.) Venk.; a pinta preta, causada por *Guignardia psidii* Ullasa & Kawal; e as podridões apical e estilar, causadas por espécies da família Botryosphaeriaceae (Barbosa, 2001; Piccinin *et al.*, 2016; Ventura *et al.*, 2024).

2.4 Podridões apical e estilar da goiaba

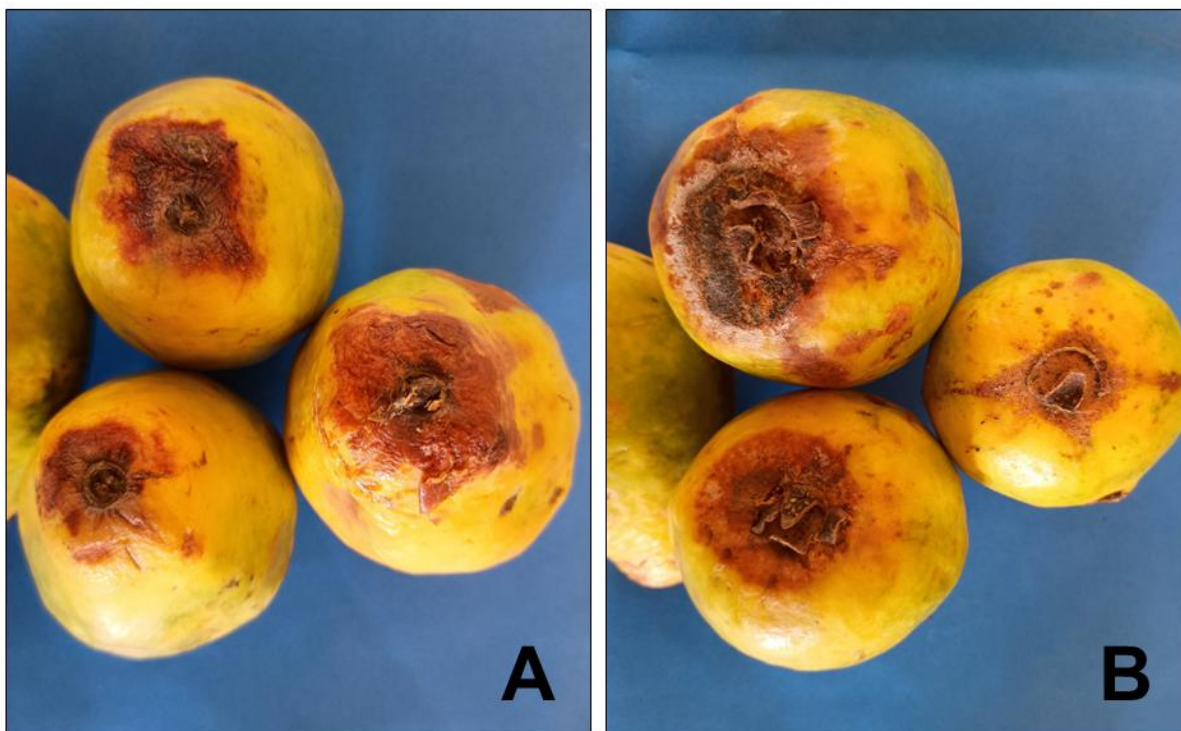
A goiaba apresenta elevada taxa metabólica durante o processo de maturação, o que confere ao fruto alta perecibilidade e, em condições não refrigeradas, resulta em vida útil geralmente inferior a oito dias. A colheita deve ser realizada após o fruto atingir a maturidade fisiológica, de modo a assegurar suas características organolépticas; entretanto, frutos colhidos em estágio de maturação excessivamente avançado apresentam senescência mais rápida, o que favorece perdas pós-colheita (Fischer *et al.*, 2017). As doenças pós-colheita podem comprometer até 7,7% dos frutos comercializados em mercados atacadistas (Martins *et al.*, 2007) e provocar perdas de até 25% em frutos armazenados por apenas três dias a 25 °C (Fischer *et al.*, 2011).

As principais doenças pós-colheita da goiaba são a antracnose, a pinta preta e as podridões apical e estilar (Nogueira Júnior *et al.*, 2016). Essas doenças são de natureza quiescente, uma vez que a infecção ocorre ainda na fase de pré-colheita, permanecendo latente até o início do processo de amadurecimento, quando ocorre o aumento dos açúcares solúveis e a redução de compostos com ação antifúngica (Fischer *et al.*, 2011; Alkan; Fortes, 2015; Singh; Sharma; Kesharwani, 2021).

As podridões apical e estilar dos frutos de goiaba permanecem pouco investigadas em comparação à antracnose, amplamente reconhecida como a principal doença de pós-colheita da cultura. Os sintomas da podridão apical manifestam-se em frutos desde os estádios iniciais de maturação até a maturidade. Inicialmente, observa-se a formação de uma mancha marrom-avermelhada na região apical do fruto. Com a progressão da doença, as lesões tornam-se mais escuras, apresentam bordas bem definidas e avançam em direção ao pedúnculo, podendo comprometer toda a superfície do fruto (Figura 1A) (Fischer *et al.*, 2017; Ventura *et al.*, 2024). A podridão estilar, por sua vez, geralmente está associada à descoloração inicial do cálice, seguida de seu apodrecimento. Pequenas lesões necróticas avermelhadas surgem na superfície do fruto e evoluem progressivamente, formando um anel necrosado que se estende em direção à extremidade estilar (Figura 1B) (Ventura *et al.*, 2024). Em estágios mais avançados dessas podridões, ocorre o desenvolvimento de micélio cinza-escuro e, sobre os tecidos necrosados, a formação de picnídios globosos a elípticos, de coloração negra, contendo ostíolo central e

picnidiósporos hialinos e unicelulares, estruturas responsáveis pela disseminação do patógeno (Ventura *et al.*, 2024).

Figura 1 – Sintomas de podridão apical (A) e podridão estilar (B) em frutos de goiaba



Fonte: elaborada pelo autor, com fotografias de Sami J. Michereff.

2.5 Família Botryosphaeriaceae e identificação molecular

A família Botryosphaeriaceae pertence ao domínio Eucaryota e integra o Reino Fungi, sendo classificada no filo Ascomycota, classe Dothideomycetes e ordem Botryosphaeriales (MycoBank, 2026). Esse grupo reúne fungos morfologicamente diversos, com ampla variedade de estratégias de vida, incluindo hábitos parasíticos, saprofíticos e endofíticos (Slippers; Wingfield, 2007). De modo geral, os representantes dessa família exibem elevada diversidade ecológica, morfológica e genética, o que reflete sua ampla capacidade de adaptação a diferentes ambientes e hospedeiros, sendo frequentemente associados a uma ampla variedade de plantas, incluindo gimnospermas e angiospermas (Crous *et al.*, 2006; Phillips *et al.*, 2013, 2019; Rathnayaka *et al.*, 2023; Bhunjun *et al.*, 2024).

As características culturais das colônias de fungos da família Botryosphaeriaceae variam entre gêneros e espécies, mas alguns padrões gerais são amplamente reconhecidos e utilizados na identificação preliminar em laboratório, especialmente em meio batata-dextrose-

ágar (BDA). As principais características culturais são: Crescimento rápido, geralmente cobrindo a placa de Petri em 3 a 7 dias; Bordas da colônia inicialmente regulares, podendo tornar-se irregulares com o envelhecimento; Micélio cotonoso nos estágios iniciais, que pode tornar-se mais compacto, feltrado ou coriáceo com o tempo; Produção frequente de micélio aéreo abundante; Coloração da colônia inicialmente branca a cinza-clara, que evolui para tons de cinza-escuro, oliva, marrom-escuro ou negro, dependendo do gênero e da idade da colônia; Picnídios podem se formar espontaneamente ou após estímulo (luz, estresse, meio pobre), geralmente escuros, globosos, às vezes parcialmente imersos no meio; A esporulação em cultura pura pode ser escassa sem indução. As características culturais não são suficientes para a identificação em nível de espécie (Phillips *et al.*, 2013).

Os critérios morfológicos classicamente empregados na caracterização de representantes da família Botryosphaeriaceae concentram-se sobretudo nas estruturas reprodutivas. Entre os principais caracteres avaliados destacam-se a largura e o comprimento dos picnidióporos, o grau de septação, a espessura e a coloração da parede celular, bem como a presença ou ausência de paráfises e o tipo de células conidiogênicas. Adicionalmente, a identificação e a delimitação dos táxons baseiam-se na análise dos picnídios e dos conídios no estágio assexuado (anamorfo) e, no estágio sexual (teleomorfo), nas características dos ascos e dos ascósporos, incluindo forma, tamanho, septação e ornamentação. Entretanto, diversas espécies da família Botryosphaeriaceae compartilham padrões morfológicos muito semelhantes, o que limita a discriminação taxonômica baseada exclusivamente em caracteres morfológicos e dificulta a identificação precisa em nível de espécie (Crous *et al.*, 2006; Phillips *et al.*, 2013, 2019; Dissanayake *et al.*, 2016).

A família Botryosphaeriaceae é composta, em grande parte, por complexos de espécies crípticas, isto é, organismos que apresentam elevada similaridade morfológica, mas diferem em suas histórias evolutivas e, total ou parcialmente, em seus sistemas reprodutivos. Essa característica torna a identificação dos fungos em nível específico especialmente desafiadora, uma vez que os estágios sexuais (teleomorfos) são raramente observados em condições naturais, enquanto os estágios assexuados (anamorfos) exibem ampla plasticidade e variação morfológica (Phillips *et al.*, 2013).

A taxonomia da família Botryosphaeriaceae tem passado por mudanças significativas nos últimos anos em decorrência da incorporação de ferramentas moleculares aos estudos sistemáticos (Phillips *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2021). Nesse contexto, análises filogenéticas multilocus, que integram a região do espaçador interno transcrito (ITS) e genes codificadores, como o fator de alongamento 1-alfa (EF1- α), a β -tubulina (TUB2), a RNA polimerase

II (RPB2), a subunidade menor do DNA ribossomal (SSU) e a subunidade maior do DNA ribossomal (LSU), têm sido utilizadas com êxito na delimitação de espécies crípticas e no esclarecimento das relações filogenéticas dentro da família Botryosphaeriaceae (Slippers *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2021; Rathnayaka *et al.*, 2023).

Atualmente, a família Botryosphaeriaceae é composta por 23 gêneros reconhecidos: *Allanphillipsia* Crous & M.J. Wingf., *Bahusutrabeeja* Subram. & Bhat, *Barriopsis* A.J.L. Phillips *et al.*, *Botryobambusa* Phook. *et al.*, *Botryosphaeria* Ces. & De Not., *Cophinforma* Doilom *et al.*, *Diplodia* Fr. (in Montagne), *Dothiorella* Sacc., *Eutiarosporella* Crous, *Lasiodiplodia* Ellis & Everh., *Macrophomina* Petr., *Marasasiomyces* Crous, *Mucoharknessia* Crous *et al.*, *Neodeightonia* C. Booth, *Neofusicoccum* Crous *et al.*, *Neoscytalidium* Crous & Slippers, *Oblongocollomyces* Tao Yang & Crous, *Othia* Nitschke ex Fuckel, *Phaeobotryon* Theiss. & Syd., *Sakireeta* Subram. & K. Ramakr., *Sardiniella* Linaldeddu *et al.*, *Sphaeropsis* Sacc. e *Tiarosporella* Höhn. (Slippers *et al.*, 2017; Phillips *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2021; Batista; Lopes; Alves, 2021; MycoBank, 2026). A família possui mais de 280 espécies reconhecidas, distribuídas principalmente nos gêneros *Lasiodiplodia*, *Neofusicoccum*, *Dothiorella* e *Diplodia* (Zhang *et al.*, 2021).

2.6 Espécies de Botryosphaeriaceae associadas às podridões apical e estilar da goiaba

Por muitos anos, *Botryosphaeria dothidea* (Moug. ex Fr.) Ces. & De Not., *Botryosphaeria ribis* Grossenb. & Duggar, *Diplodia natalensis* Pole-Evans, *Dothiorella dominicana* Petr. & Cif. e *Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon & Maubl. foram considerados os agentes etiológicos das podridões apical e estilar dos frutos de goiaba (Cedeño *et al.*, 1998; Jiménez; Santos, 1992; Junqueira *et al.*, 2001; Cardoso; Maia; Pessoa, 2002; Lim; Manicom, 2003; Misra, 2004; Wang; Hsieh, 2006; Sussell, 2010). Entretanto, a identificação das espécies de Botryosphaeriaceae baseava-se exclusivamente em características morfológicas, o que pode ter gerado imprecisões taxonômicas (Rathnayaka *et al.*, 2023).

Apesar da relevância das podridões apical e estilar dos frutos de goiaba, ainda são escassos os estudos que empregaram abordagens de identificação molecular para caracterizar os fungos associados a essas doenças. Em um trabalho pioneiro conduzido no Brasil, foram avaliados 56 isolados fúngicos obtidos a partir de frutos de goiaba com sintomas de podridão estilar, provenientes de áreas produtoras do estado de São Paulo, na região Sudeste (Nogueira Júnior *et al.*, 2016). Nesse estudo, a identificação foi realizada por meio do sequenciamento da região ITS e dos genes TUB2 e EF1- α , o que permitiu identificar três espécies pertencentes à

família Botryosphaeriaceae: *B. dothidea*, *Neofusicoccum parvum* (Pennycook & Samuels) Crous, Slippers & A.J.L. Phillips e *Neofusicoccum ribis* (Slippers, Crous & M.J. Wingf.). Crous, Slippers & A.J.L. Phillips. Dentre essas, *N. ribis* foi a espécie mais frequente, correspondendo a 62,5% dos isolados, seguida por *N. parvum* (25%) e *B. dothidea* (12,5%). Posteriormente, um isolado obtido de goiabeira no município de Cruz, no estado do Ceará, foi identificado como *Neofusicoccum brasiliense* M.W. Marques, A.J.L. Phillips & M.P.S. Câmara utilizando sequenciamento de ITS e EF1- α (Coutinho *et al.*, 2018).

2.7 Gênero *Lasiodiplodia* e as podridões da goiaba

Até recentemente, *L. theobromae* era a única espécie de *Lasiodiplodia* relatada como um dos agentes etiológicos das podridões apical e estilar em frutos de goiaba (Misra, 2021), com identificação baseada em características morfológicas.

O gênero *Lasiodiplodia* apresenta ampla distribuição em regiões tropicais e subtropicais, sendo reconhecido como um dos grupos fitopatogênicos mais importantes da família Botryosphaeriaceae (Phillips *et al.*, 2013; Ko *et al.*, 2023; Rathnayaka *et al.*, 2023; Gerrero *et al.*, 2025). Mais de 800 espécies de plantas são hospedeiras de *Lasiodiplodia* (USDA, 2026), causando os mais variados sintomas, incluindo cancos no caule, gomose, morte descendente e podridões na pós-colheita (Manawasinghe *et al.*, 2016; Gerrero *et al.*, 2025).

O gênero *Lasiodiplodia* foi estabelecido por Ellis, em 1894, tendo *L. tubericola* Ellis & Everh. como espécie-tipo, posteriormente sinonimizada com *L. theobromae* (Pat.) Griffon & Maubl. (Phillips *et al.*, 2013). Morfologicamente, distingue-se dos demais gêneros da família por apresentar conídios pigmentados, que podem permanecer hialinos por certo período e, em seguida, tornarem-se marrons, septados e com estrias longitudinais, além da presença de paráfises picnidiais (Phillips *et al.*, 2013; Rathnayaka *et al.*, 2023). Filogeneticamente, *Lasiodiplodia* está intimamente relacionado a *Diplodia* e *Neodeightonia*; entretanto, morfolologicamente, diferencia-se de *Diplodia* pelos conídios estriados e de *Neodeightonia* pela presença de paráfises, uma vez que este último gênero também apresenta conídios estriados (Phillips *et al.*, 2013).

A classificação taxonômica de *Lasiodiplodia* tem sido historicamente complexa. Ao longo de mais de 150 anos, esse fungo recebeu diferentes denominações e foi circunscrito a numerosas espécies. Esse cenário passou a ser reorganizado com a monografia de Punithalingam (1976), que reduziu várias dessas espécies à sinonímia de *L. theobromae*. Posteriormente, estudos baseados nas sequências da região ITS e do gene EF1- α revelaram a existência de

espécies crípticas no complexo *L. theobromae* (Phillips *et al.*, 2013). Atualmente, a delimitação das espécies de *Lasiodiplodia* fundamenta-se na integração de caracteres morfológicos e de análises filogenéticas multilocus, geralmente com base em sequências combinadas de EF1- α , ITS, TUB2, LSU e RPB2 (Yang *et al.*, 2017; Phillips *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2021; Rathnayaka *et al.*, 2023; Guerrero *et al.*, 2025). Até março de 2026, bases taxonômicas especializadas reconheceram mais de 70 espécies do gênero (Index Fungorum, 2026; MycoBank, 2026), com registros que podem variar conforme os critérios de aceitação adotados por cada base.

A primeira confirmação de *L. theobromae* como agente dessas doenças foi obtida em um estudo conduzido na Malásia, no qual dois isolados foram identificados por meio do sequenciamento da região ITS e do gene EF1- α (Zee; Asib; Ismail, 2021). Posteriormente, em estudo conduzido em Taiwan, a partir do sequenciamento da região ITS e dos genes TUB2, EF1- α e SSU, foram identificadas cinco espécies de *Lasiodiplodia* entre 43 isolados obtidos de frutos de goiaba. A espécie mais frequente foi *Lasiodiplodia rubropurpurea* T.I. Burgess, P.A. Barber & Pegg (38%), seguida por *L. theobromae* (29%), *Lasiodiplodia pseudotheobromae* A.J.L. Phillips, A. Alves & Crous (14%), *Lasiodiplodia hormozganensis* Abdollahz., Zare & A.J.L. Phillips (7%) e *Lasiodiplodia iraniensis* Abdollahz., Zare & A.J.L. Phillips (2%) (Ko *et al.*, 2023). Mais recentemente, *L. pseudotheobromae* foi relatado como causador de podridões em frutos de goiaba em Gana, com a identificação molecular de cinco isolados, baseada em ITS e EF1- α (Honger *et al.*, 2026).

Mesmo diante da expressiva relevância econômica e social da produção de goiaba no Nordeste brasileiro, persiste uma lacuna significativa no conhecimento científico sobre os agentes etiológicos associados às principais podridões dos frutos. Até o momento, não existem estudos que tenham empregado abordagens de identificação molecular para caracterizar as espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar da goiaba no Brasil.

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Avaliar a diversidade de espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar de frutos de goiabeira no Nordeste brasileiro, por meio de análises de filogenia molecular com base em sequências da região do espaçador interno transcrito (ITS) e dos genes fator de alongamento 1-alfa (EF1- α) e β -tubulina (TUB2).

3.2 Objetivos específicos

- Coletar frutos de goiabeira em áreas de produção no Nordeste brasileiro;
- Obter e preservar isolados de *Lasiodiplodia* associados às podridões apical e estilar da goiaba no Nordeste brasileiro;
- Caracterizar, por meio de filogenia molecular, as espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar da goiaba no Nordeste brasileiro, utilizando sequências da região ITS e dos genes EF1- α e TUB2.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Coleta de amostras e isolamento dos fungos

Frutos de goiaba (cv. Paluma), sem sintomas de doenças, foram coletados em diferentes áreas produtoras do Nordeste brasileiro, nos estados do Ceará, Pernambuco e Rio Grande do Norte, entre outubro de 2024 e agosto de 2025.

Os frutos foram submetidos à desinfestação superficial por meio de lavagem em água corrente com detergente, seguida de imersão por 1 minuto em solução de hipoclorito de sódio (NaOCl) a 1%, e posterior enxágue em duas lavagens com água destilada esterilizada. Após o tratamento, os frutos foram secos sob condições assépticas. Em seguida, cada fruto foi colocado sobre a tampa de uma placa de Petri esterilizada (9 cm de diâmetro) e acomodado em bandejas plásticas forradas com quatro camadas de papel-toalha umedecidas. As bandejas foram acondicionadas em sacos plásticos e mantidas à temperatura ambiente de laboratório ($\approx 25\text{ }^{\circ}\text{C}$) por até sete dias, até o aparecimento de sintomas de podridão na região do pedúnculo ou na extremidade do estilete. Os sintomas característicos consistiram em lesões marrom-avermelhadas nessas regiões, seguidas pelo desenvolvimento de micélio acinzentado, que se tornava progressivamente mais escuro à medida que a lesão avançava.

Um fruto representativo de cada tipo de sintoma (podridão apical e podridão estilar), proveniente de cada área amostrada, foi utilizado para o isolamento. Fragmentos internos de tecido foram retirados assépticamente das margens das lesões e submetidos à desinfestação em álcool a 70% por 30 segundos, seguidos de imersão em NaOCl a 1% por 1 minuto, e duas lavagens consecutivas em água destilada esterilizada. Em seguida, os fragmentos foram dispostos sobre papel de filtro estéril, em câmara asséptica, para secagem. Após esse procedimento, os fragmentos foram transferidos para placas de Petri contendo BDA suplementado com tetraciclina (0,5 g/L) e incubadas a $25\text{ }^{\circ}\text{C}$ no escuro. Nos casos em que foi observado crescimento micelial típico de *Lasiodiplodia* (Phillips *et al.*, 2013), fragmentos de hifas foram transferidos individualmente para novas placas contendo BDA.

Após a obtenção de culturas puras, foi utilizada a técnica de ponta de hifa, na qual fragmentos de micélio foram retirados da margem de culturas com três dias de crescimento em BDA e transferidos para placas de Petri contendo meio ágar-água (AA) a 2%. As placas foram incubadas no escuro a $25\text{ }^{\circ}\text{C}$ e, após 24 horas, um fragmento foi removido da extremidade da hifa, com auxílio de microscópio óptico, e transferido para o centro de uma placa de Petri contendo meio BDA. As culturas-estoque foram mantidas em tubos de ensaio contendo BDA,

sob refrigeração a 5 °C e no escuro. A preservação dos isolados foi realizada pela adição de cinco discos de micélio (5 mm de diâmetro) de cada isolado a microtubos de 2 mL contendo 1,5 mL de água destilada esterilizada (Castellani, 1939), os quais foram armazenados à temperatura ambiente do laboratório.

4.2 Extração do DNA, PCR e sequenciamento

Os isolados fúngicos foram cultivados em BDA sobreposto com membrana semipermeável de celofane e incubados no escuro a 25 °C por sete dias. O micélio aéreo foi removido da superfície das colônias com o auxílio de uma espátula esterilizada e transferido para microtubos tipo Eppendorf de 2 mL contendo quatro esferas de vidro (3 mm de diâmetro) e 300 µL de solução de lise nuclear do *kit Wizard® Genomic DNA Purification* (Promega Corporation, Madison, EUA). Os microtubos foram submetidos à maceração em disruptor de células (L-Beadr 6; Loccus Biotecnologia, Campinas, Brasil) e a extração do DNA foi realizada de acordo com as instruções do fabricante. A concentração do DNA extraído foi estimada por eletroforese em gel de agarose a 1%, por comparação visual da intensidade das bandas com um marcador de peso molecular de 1 kb (Invitrogen 1 Kb Plus DNA Ladder; Axygen Scientific Inc., Union City, EUA).

Após a extração do DNA, as amostras foram submetidas à reação em cadeia da polimerase (PCR) para a amplificação da região ITS e dos genes EF1- α e TUB2 utilizando os oligonucleotídeos ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGA TAT GC-3') e ITS5 (5'-TACTTCAAGGAACCCTTACC-3') (White *et al.*, 1990), EF1-688F (5'-CGGTCACCTTGATCTACAAGTGC-3') e EF1-1251R (5'-CCTCGAACTCACCAGTACCG3') (Alves *et al.*, 2008), e Bt2a (5'-GGTAACCAA ATCGGTGCTGCTTTC-3') e Bt2b (5'-ACCCTCAGTG TAGTGACCCTTGGC-3') (Glass; Donaldson, 1995), respectivamente. Cada reação de PCR, com volume final de 12,5 µL, foi composta por 6,25 µL de GoTaq® Green Master Mix (2X) (Promega Corporation), 0,5 µL de cada oligonucleotídeo, 4,25 µL de água livre de nucleases e 1 µL de DNA fúngico. Um controle negativo, sem adição de DNA, foi incluído em todas as reações. As amplificações foram realizadas em termociclador Biocycler MJ 96 (Applied Biosystems, Waltham, EUA), utilizando o seguinte programa: desnaturação inicial a 95 °C por 4 minutos; 30 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 segundos; anelamento a 55 °C por 45 segundos; extensão a 72 °C por 90 segundos; extensão final a 72 °C por 10 minutos.

Os produtos de amplificação da PCR foram separados por eletroforese em gel de agarose a 1%, preparado em tampão Tris-acetato-EDTA (TAE 1x), corados com GelRed™ (Biotium Inc., Hayward, EUA) e visualizados sob luz ultravioleta (UV). Em seguida, os produtos de PCR foram purificados com o kit NucleoSAP® (Cellco Biotec do Brasil Ltda., São Carlos, Brasil), de acordo com as instruções do fabricante, e sequenciados em ambas as direções com os mesmos primers empregados na amplificação. O sequenciamento foi realizado em um sequenciador ABI PRISM 3100 Avant Genetic Analyzer (Applied Biosystems), na Plataforma Multiusuário de Sequenciamento de DNA do Departamento de Genética da Universidade Federal de Pernambuco (Recife, Brasil).

4.3 Análises filogenéticas

A análise dos cromatogramas gerados pelo sequenciamento e a montagem dos contigs foram realizadas no programa Staden Package® v. 2.0 (Staden; Beal; Bonfield, 1998). O alinhamento das sequências foi conduzido no ClustalX v. 1.83 (Thompson *et al.*, 1997), por meio do programa MEGA v. 7.0 (Kumar; Stecher; Tamura, 2016). Quando necessário, os alinhamentos foram ajustados manualmente, e os eventos de inserção e deleção (indels) foram considerados nas análises filogenéticas (Young; Healy, 2003).

A identificação preliminar em nível de gênero foi realizada por meio de buscas megaBLAST (Zhang *et al.*, 2000), comparando as sequências obtidas com sequências nucleotídicas disponíveis no banco de dados GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), com suporte das informações taxonômicas do MycoBank (<https://www.mycobank.org/>). Posteriormente, as sequências foram utilizadas para a construção de um alinhamento composto por espécies representativas do gênero *Lasiodiplodia* (Tabela 1). As relações filogenéticas foram inferidas pelo método da Máxima Verossimilhança (ML), utilizando os programas RAxML v. 8.0.0 (Stamatakis, 2014) e IQ-TREE v. 2.1.3 (Nguyen *et al.*, 2015; Minh *et al.*, 2020), com o modelo evolutivo TN+F+G4. A árvore filogenética resultante foi visualizada no programa FigTree v.1.4.4 (Rambaut, 2018) e, posteriormente, editada no Adobe Illustrator® CC 2021.

As sequências obtidas nesse estudo serão depositadas no GenBank e os isolados obtidos foram depositados na Coleção de Culturas de Fungos Fitopatogênicos do Cariri (CFC) do Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri (Crato, Ceará, Brasil).

Tabela 1 – Isolados de Botryosphaeriaceae derivados do GenBank incluídos nas análises filogenéticas

Espécie	Código do isolado ¹	Hospedeiro/substrato	Origem geográfica	Código GenBank ²		
				ITS	EF1- α	TUB2
<i>Lasiodiplodia acaciae</i>	CBS 136434	<i>Acacia</i> sp.	Indonésia	MT587421	MT592133	MT592613
<i>Lasiodiplodia adeniicola</i>	COUFPI 288	<i>Adenium obesum</i>	Brasil	OR018814	OR082614	PP860718
<i>L. adeniicola</i>	COUFPI 289	<i>Adenium obesum</i>	Brasil	OR018815	OR082615	PP860719
<i>Lasiodiplodia americana</i>	CERC 1960	<i>Pistacia vera</i>	EUA	KP217058	KP217066	KP217074
<i>L. americana</i>	CERC 1961	<i>Pistacia vera</i>	EUA	KP217059	KP217067	KP217075
<i>Lasiodiplodia ananasi</i>	MFLUCC 23-0199	<i>Ananas comosus</i>	Tailândia	NR200556	-	OR538078
<i>L. ananasi</i>	MFLUCC 23-0140	<i>Ananas comosus</i>	Tailândia	-	-	OR538079
<i>Lasiodiplodia aquilariae</i>	CGMCC 3.18471	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783442	KY848600	-
<i>Lasiodiplodia avicenniae</i>	CMW 41467	<i>Aquilaria crassna</i>	África do Sul	KP860835	KP860680	KP860758
<i>L. avicenniae</i>	LAS199	<i>Avicennia marina</i>	África do Sul	KU587957	KU587947	KU587868
<i>Lasiodiplodia brasiliensis</i>	CMM 4015	<i>Mangifera indica</i>	Brasil	JX464063	JX464049	-
<i>L. brasiliensis</i>	CMW 35884	<i>Adansonia madagascariensis</i>	Madagascar	KU887094	KU886972	KU887466
<i>Lasiodiplodia bruguierae</i>	CMW 41470	<i>Bruguiera gymnorhiza</i>	África do Sul	KP860832	KP860677	KP860755
<i>L. bruguierae</i>	CMW 42480	<i>B. gymnorhiza</i>	África do Sul	KP860834	KP860679	KP860757
<i>Lasiodiplodia caatinguensis</i>	IBL366	<i>Spondias purpurea</i>	Brasil	KT154760	KT008006	KT154767
<i>L. caatinguensis</i>	IBL381	<i>Spondias purpurea</i>	Brasil	KT154757	KT154751	KT154764
<i>Lasiodiplodia chiangraiensis</i>	GZCC 21-0003	Desconhecido	Tailândia	MW760853	MW815629	MW815627
<i>L. chiangraiensis</i>	MFLUCC 21-0003	Desconhecido	Tailândia	MW760854	MW815630	MW815628
<i>Lasiodiplodia chinensis</i>	CGMCC 3.18061	Desconhecido	China	KX499889	KX499927	KX500002
<i>L. chinensis</i>	CGMCC 3.18063	<i>Canarium parvum</i>	China	KX499891	KX499929	KX500004
<i>Lasiodiplodia chonburiensis</i>	MFLUCC 25-0027	Desconhecido	Tailândia	PV069457	PV086021	PV130677
<i>Lasiodiplodia cinnamomi</i>	CFCC 51997	<i>Cinnamomum camphora</i>	China	MG866028	MH236799	MH236797
<i>L. cinnamomi</i>	CFCC 51998	<i>Cinnamomum camphora</i>	China	MG866029	MH236800	MH236798
<i>Lasiodiplodia citricola</i>	IRAN 1521C	<i>Citrus</i> sp.	Irã	GU945353	GU945339	KU887504
<i>L. citricola</i>	IRAN 1522C	<i>Citrus</i> sp.	Irã	GU945354	GU945340	KU887505
<i>Lasiodiplodia clavispora</i>	CGMCC 3.19594	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MK802166	OL773697	MK816339
<i>L. clavispora</i>	CGMCC 3.19595	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MK802165	OL773696	MK816338
<i>Lasiodiplodia crassispora</i>	CMW 13488	<i>Eucalyptus urophylla</i>	Venezuela	DQ103552	DQ103559	KU887507
<i>L. crassispora</i>	WAC 12533	<i>Santalum album</i>	Austrália	DQ103550	DQ103557	KU887506
<i>Lasiodiplodia curvata</i>	CGMCC 3.18456	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783437	KY848596	KY848529
<i>Lasiodiplodia delonicis</i>	MFLUCC 23-0005	<i>Delonix regia</i>	Tailândia	OR052066	OR030466	OR030484
<i>Lasiodiplodia egypticae</i>	CBS 130992	<i>Mangifera indica</i>	Egito	JN814397	JN814424	KU887508
<i>Lasiodiplodia endophytica</i>	MFLUCC 18-1121	<i>Magnolia acuminata</i>	China	MK501838	MK584572	MK550606
<i>Lasiodiplodia euphorbiaceicola</i>	CMM 3609	<i>Jatropha curcas</i>	Brasil	KF234543	KF226689	KF254926
<i>L. euphorbiaceicola</i>	CMW 33350	<i>Adansonia digitata</i>	Botswana	KU887149	KU887026	KU887455
<i>Lasiodiplodia exigua</i>	BL 184	<i>Retama raetam</i>	Tunísia	KJ638318	KJ638337	-
<i>L. exigua</i>	CBS 137785	<i>Retama raetam</i>	Tunísia	KJ638317	KJ638336	KU887509
<i>Lasiodiplodia fici</i>	ZHKUCC 21-0125	<i>Ficus altissima</i>	China	ON178662	ON599008	ON599011
<i>L. fici</i>	ZHKUCC 21-0127	<i>Ficus altissima</i>	China	ON178663	ON599006	ON599009
<i>Lasiodiplodia fujianensis</i>	CGMCC 3.19593	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MK802164	MK887178	MK816337
<i>Lasiodiplodia gilanensis</i>	IRAN 1501C	<i>Citrus</i> sp.	Irã	GU945352	GU945341	KU887510
<i>L. gilanensis</i>	IRAN 1523C	<i>Citrus</i> sp.	Irã	GU945351	GU945342	KU887511
<i>Lasiodiplodia gonubiensis</i>	CMW 14077	<i>Syzygium cordatum</i>	África do Sul	AY639595	DQ103566	DQ458860
<i>L. gonubiensis</i>	CMW 14078	<i>Syzygium cordatum</i>	África do Sul	AY639594	DQ103567	EU673126
<i>Lasiodiplodia guiliniensis</i>	CGMCC 3.20378	<i>Citrus sinensis</i>	China	MW880672	MW884175	MW884204
<i>L. guiliniensis</i>	CGMCC 3.20379	<i>Citrus unshiu</i>	China	MW880673	MW884176	MW884205
<i>Lasiodiplodia gravistriata</i>	CMM 4564	<i>Anacardium humile</i>	Brasil	KT250949	KT250950	-
<i>L. gravistriata</i>	CMM 4565	<i>Anacardium humile</i>	Brasil	KT250947	KT266812	-
<i>Lasiodiplodia henanica</i>	CGMCC 3.19176	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MH729351	MH729357	MH729360
<i>Lasiodiplodia hormozganensis</i>	IRAN 1498C	<i>M. indica</i>	Irã	GU945356	GU945344	KU887514
<i>L. hormozganensis</i>	IRAN 1500C	<i>Olea</i> sp.	Irã	GU945355	GU945343	KU887515
<i>Lasiodiplodia huangyanensis</i>	CGMCC 3.20380	<i>Citrus lata</i>	China	MW880674	MW884177	MW884206
<i>L. huangyanensis</i>	CGMCC 3.20381	<i>Citrus unshiu</i>	China	MW880675	MW884178	MW884207
<i>Lasiodiplodia hyalina</i>	CGMCC 3.17975	<i>Acacia confusa</i>	China	KX499879	KX499917	KX499992
<i>Lasiodiplodia iraniensis</i>	IRAN 1502C	<i>Salvadora persica</i>	Irã	GU945348	GU945336	KU887516
<i>L. iraniensis</i>	IRAN 1520C	<i>Salvadora persica</i>	Irã	GU945348	GU945336	KU887516
<i>Lasiodiplodia irregularis</i>	CGMCC 3.18468	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783472	KY848610	KY848553
<i>Lasiodiplodia jatrophiicola</i>	CMW 36239	<i>Jatropha curcas</i>	Brasil	KF234544	KF226690	KF254927
<i>L. jatrophiicola</i>	CMW 36237	<i>Adansonia</i> sp.	África do Sul	KU887121	KU886998	KU887499
<i>L. jatrophiicola</i>	CMW 36239	<i>Adansonia</i> sp.	África do Sul	KU887123	KU887000	KU887501
<i>Lasiodiplodia laeliocattleyae</i>	CBS 16728	<i>Laelio cattleya</i>	Itália	MT587425	MT592136	MT592618
<i>L. laeliocattleyae</i>	BOT 29	<i>Mangifera indica</i>	Egito	JN814401	JN814428	-
<i>Lasiodiplodia laosensis</i>	GuoLD01818	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783471	KY848609	KY848552
<i>L. laosensis</i>	GuoLD 01963	<i>A. crassna</i>	Laos	KY783450	KY848603	KY848536
<i>Lasiodiplodia lignicola</i>	CBS 134112	Madeira	Tailândia	JX646797	KU887003	JX646845
<i>L. lignicola</i>	MFLUCC 11-0656	Madeira	Tailândia	JX646798	JX646863	JX646846
<i>Lasiodiplodia linhaiensis</i>	CGMCC 3.20383	<i>Citrus sinensis</i>	China	MW880678	MW884181	MW884210
<i>L. linhaiensis</i>	CGMCC 3.20386	<i>Citrus unshiu</i>	China	MW880677	MW884180	MW884209
<i>Lasiodiplodia lodoiceae</i>	AGQMy 0002	<i>Lodoicea maldivica</i>	México	MW274148	MW604230	MW604240
<i>L. lodoiceae</i>	AGQMy 0006	<i>Lodoicea maldivica</i>	México	MW274146	MW604229	MW604239
<i>Lasiodiplodia macroconidia</i>	CGMCC 3.18479	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783438	KY848597	KY848530
<i>Lasiodiplodia macrospora</i>	CMM 3833	<i>Jatropha curcas</i>	Brasil	KF234557	KF226718	KF254941
<i>Lasiodiplodia magnoliae</i>	MFLUCC 18-0948	<i>Magnolia candolii</i>	China	MK499387	MK568537	MK521587
<i>Lasiodiplodia mahajangana</i>	CMW 27801	<i>Terminalia catappa</i>	Madagascar	FJ900595	FJ900641	FJ900630
<i>L. mahajangana</i>	CMW 27818	<i>Terminalia catappa</i>	Madagascar	FJ900596	FJ900642	FJ900631
<i>Lasiodiplodia margaritacea</i>	CBS 122065	<i>Adansonia gibbosa</i>	Austrália	EU144051	EU144066	-
<i>L. margaritacea</i>	CBS 122519	<i>Adansonia gibbosa</i>	Austrália	EU144050	EU144065	KU887520

Tabela 1 – Continuação

Espécie	Código do isolado ¹	Hospedeiro/substrato	Origem geográfica	Código GenBank ²		
				ITS	EF1- α	TUB2
<i>Lasiodiplodia mediterranea</i>	BL 1	<i>Quercus ilex</i>	Itália	KJ638312	KJ638331	KU887521
<i>L. mediterranea</i>	BL 101	<i>Vitis vinifera</i>	Itália	KJ638311	KJ638330	KU887522
<i>Lasiodiplodia mexicanensis</i>	AGQMy 0015	<i>Chamaedorea seifrizii</i>	México	MW274150	MW604233	MW604242
<i>L. mexicanensis</i>	AGQMy 0014	<i>Chamaedorea seifrizii</i>	México	MW274151	MW604234	MW604243
<i>Lasiodiplodia microconidia</i>	CGMCC 3.18485	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783441	KY848614	-
<i>Lasiodiplodia missouriana</i>	UCD 2193MO	<i>Vitis vinifera</i>	EUA	HQ288225	HQ288267	HQ288304
<i>L. missouriana</i>	UCD 2199MO	<i>Vitis vinifera</i>	EUA	HQ288226	HQ288268	HQ288305
<i>Lasiodiplodia mitidjana</i>	ALG82	<i>Citrus sp.</i>	Argélia	MN104112	MN159111	-
<i>L. mitidjana</i>	ALG111	<i>Citrus sp.</i>	Argélia	MN104115	MN159114	-
<i>Lasiodiplodia morindae</i>	ZHKUCC 22-0083	Desconhecido	China	-	-	OP893932
<i>L. morindae</i>	ZHKUCC 22-0084	Desconhecido	China	-	-	OP893933
<i>Lasiodiplodia nanpingensis</i>	CGMCC 3.19596	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MK802167	OL773698	MK816340
<i>L. nanpingensis</i>	CGMCC 3.19597	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MK802168	OL773699	MK816341
<i>Lasiodiplodia newvalleyensis</i>	EGY20113	<i>Phoenix dactylifera</i>	Egito	ON392175	OP080253	OP080271
<i>L. newvalleyensis</i>	EGY20114	<i>Phoenix dactylifera</i>	Egito	ON392180	OP080254	OP080272
<i>Lasiodiplodia paraphysoides</i>	CGMCC 3.19174	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MH729349	MH729355	MH729358
<i>L. paraphysoides</i>	CGMCC 3.19175	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	MH729350	MH729356	MH729359
<i>Lasiodiplodia parva</i>	CBS 45678	solo de mandioca	Colômbia	EF622083	EF622063	KU887523
<i>L. parva</i>	CBS 49478	solo de mandioca	Colômbia	EF622084	EF622064	EU673114
<i>Lasiodiplodia plurivora</i>	STE-U 4583	<i>Vitis vinifera</i>	África do Sul	AY343482	EF445396	KU887525
<i>L. plurivora</i>	STE-U 5803	<i>Prunus salicina</i>	África do Sul	EF445362	EF445395	KP872421
<i>Lasiodiplodia ponkanicola</i>	CGMCC 3.20388	<i>Citrus reticulata</i>	China	MW880685	MW884188	MW884214
<i>Lasiodiplodia pontae</i>	IBL12	<i>Spondias purpurea</i>	Brasil	KT151794	KT151791	KT151797
<i>Lasiodiplodia pruni</i>	JZB 3130029	<i>Prunus persica</i>	China	OR821993	OR831982	OR831991
<i>L. pruni</i>	JZB 3130030	<i>Prunus persica</i>	China	OR821994	OR831983	OR831992
<i>L. pruni</i>	JZB 3130031	<i>Prunus persica</i>	China	OR821995	OR831984	OR831993
<i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i>	CBS 116459	<i>Gmelina arborea</i>	Costa Rica	EF622077	EF622057	EU673111
<i>L. pseudotheobromae</i>	CGMCC 3.18047	<i>Pteridium aquilinum</i>	China	KX499876	KX499914	KX499989
<i>Lasiodiplodia pyriformis</i>	CBS 121770	<i>Acacia mellifera</i>	Namíbia	EU101307	EU101352	KU887527
<i>L. pyriformis</i>	CBS 121771	<i>Acacia mellifera</i>	Namíbia	EU101308	EU101353	KU887528
<i>Lasiodiplodia riauensis</i>	CMW 54167	<i>Eucalyptus sp.</i>	Indonésia	MT934415	OK172323	OK172320
<i>L. riauensis</i>	CMW 54168	<i>Eucalyptus sp.</i>	Indonésia	MT934416	OK172324	OK172321
<i>L. riauensis</i>	CMW 54170	<i>Eucalyptus sp.</i>	Indonésia	MT934417	OK172325	OK172322
<i>Lasiodiplodia rubropurpurea</i>	WAC 12535	<i>Eucalyptus grandis</i>	Austrália	DQ103553	DQ103571	EU673136
<i>L. rubropurpurea</i>	WAC 12536	<i>Eucalyptus grandis</i>	Austrália	DQ103554	DQ103572	KU887530
<i>Lasiodiplodia sterculiae</i>	CBS 34278	<i>Sterculia oblonga</i>	Alemanha	KX464140	KX464634	KX464908
<i>Lasiodiplodia subglobosa</i>	CMM 3872	<i>Jatropha curcas</i>	Brasil	KF234558	KF226721	KF254942
<i>L. subglobosa</i>	CMM 4046	<i>Jatropha curcas</i>	Brasil	KF234560	KF226723	KF254944
<i>Lasiodiplodia syzygii</i>	CBS 120512	<i>Syzygium cordatum</i>	África do Sul	MT587434	MT592147	MT592632
<i>Lasiodiplodia tenuiconidia</i>	CGMCC 3.18449	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783466	KY848619	-
<i>Lasiodiplodia thailandica</i>	B 0041	<i>Phyllanthus acidus</i>	Tailândia	KM006433	KM006464	-
<i>L. thailandica</i>	B 0421	<i>Mangifera indica</i>	Tailândia	KJ193637	KJ193681	-
<i>Lasiodiplodia theobromae</i>	CBS 111530	<i>Leucospermum sp.</i>	USA	EF622074	EF622054	KU887531
<i>L. theobromae</i>	CBS 16496	Desconhecido	Papua-Nova Guiné	AY640255	AY640258	KU887532
<i>Lasiodiplodia tropica</i>	CGMCC 3.18477	<i>Aquilaria crassna</i>	Laos	KY783454	KY848616	KY848540
<i>Lasiodiplodia vaccinii</i>	CGMCC 3.19022	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	HM330318	HM330321	MH330324
<i>L. vaccinii</i>	CGMCC 3.19023	<i>Vaccinium uliginosum</i>	China	HM330319	HM330322	MH330326
<i>Lasiodiplodia venezuelensis</i>	WAC 12539	<i>Acacia mangium</i>	Venezuela	DQ103547	DQ103568	KU887533
<i>L. venezuelensis</i>	WAC 12540	<i>Acacia mangium</i>	Venezuela	DQ103548	DQ103569	KP872427
<i>Lasiodiplodia viticola</i>	UCD 2553AR	<i>V. vinifera</i>	EUA	HQ288227	HQ288269	HQ288306
<i>L. viticola</i>	UCD 2604MO	<i>V. vinifera</i>	EUA	HQ288228	HQ288270	HQ288307
<i>Lasiodiplodia vitis</i>	CBS 124060	<i>V. vinifera</i>	Itália	KX464148	KX464642	KX464917
<i>Diplodia seriata</i>	CBS 112555	<i>V. vinifera</i>	Portugal	AY259094	AY573220	DQ458856

¹ AGQMy = Guo-Hui Qiao, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing, China; ALG = A. Berraf-Tebbal, Université Saad Dahleb, Blida, Algeria; BL = B.T. Linaldeddu, Università degli Studi di Sassari, Sassari, Italy; BOT = A. M. Ismail, Plant Pathology Research Institute, Giza, Egypt; CBS = CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands; CERC = Culture Collection of the China Eucalypt Research Centre, Zhanjiang, China; CFCC = China Forestry Culture Collection Center, Beining, China; CGMCC = China General Microbiological Culture Collection Center, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China; CMM = Culture Collection of Phytopathogenic Fungi “Prof. Maria Menezes”, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Brazil; CMW = Forestry and Agricultural Biotechnology Institute, University of Pretoria, Pretoria, South Africa; COUPPI = Coleção de Culturas de Microrganismos da Universidade Federal do Piauí, Teresina, Brazil; CPC = Culture Collection of P.W. Crous, hosted at CBS; GuoLD = Liang-Dong Guo, State Key Laboratory of Mycology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China; GZCC = Guizhou Culture Collection, Guiyang, China; IBL = Coleção de Culturas de Microrganismos do Instituto Biológico, São Paulo, Brazil; IRAN = Culture Collection of the Iranian Research Institute of Plant Protection, Tehran, Iran; JZB = Culture Collection of the Institute of Plant Protection, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, China; MFLUCC = Mae Fah Luang University Culture Collection, Chiang Rai, Thailand; STE-U Culture Collection of the Department of Plant Pathology, University of Stellenbosch, Stellenbosch, South Africa; UCD = Phaff Yeast Culture Collection, Department of Food Science and Technology, University of California, Davis, USA; WAC = Department of Agriculture Western Australia Plant Pathogen Collection, University of Western Australia, Perth, Australia; ZHKUCC = Culture Collection of Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou, China..

² ITS = região do espaçador interno transcrito; EF1- α = fator de alongamento 1-alfa; TUB2 = β -tubulina.

Fonte: elaborada pelo autor.

5 RESULTADOS

Foram obtidos 53 isolados fúngicos a partir de frutos de goiaba coletados em 13 municípios do Nordeste brasileiro, nos estados do Ceará, Pernambuco e Rio Grande do Norte. Os isolados apresentaram crescimento rápido em meio BDA, com colônias inicialmente brancas, que se tornaram cinza-escuras a negras com o envelhecimento, frequentemente exibindo micélio aéreo abundante, aspecto algodinoso a lanoso e reverso escuro, características típicas do gênero *Lasiodiplodia* (Phillips *et al.*, 2013). Desses isolados, 25 foram obtidos de frutos com sintomas de podridão apical e 28 de frutos com podridão estilar (Tabela 2).

Tabela 2 – Isolados de *Lasiodiplodia* coletados de goiaba no Nordeste brasileiro

Estado	Município	Sintoma no fruto	Código¹
Ceará	Abaiara	podridão apical	CFC 1997
	Abaiara	podridão estilar	CFC 1998
	Abaiara	podridão apical	CFC 2003
	Abaiara	podridão estilar	CFC 2005
	Abaiara	podridão apical	CFC 2006
	Abaiara	podridão estilar	CFC 2010
	Abaiara	podridão estilar	CFC 2011
	Barbalha	podridão estilar	CFC 1966
	Barro	podridão apical	CFC 2004
	Caririaçu	podridão estilar	CFC 1967
	Caririaçu	podridão apical	CFC 1980
	Caririaçu	podridão estilar	CFC 2002
	Cedro	podridão estilar	CFC 1960
	Cedro	podridão apical	CFC 1961
	Cedro	podridão estilar	CFC 1969
	Cedro	podridão apical	CFC 1975
	Cedro	podridão apical	CFC 1989
	Cedro	podridão estilar	CFC 1990
	Cedro	podridão apical	CFC 1991
	Cedro	podridão apical	CFC 1999
	Cedro	podridão estilar	CFC 2000
	Cedro	Podridão estilar	CFC 2007
	Crato	podridão estilar	CFC 1968
	Crato	podridão apical	CFC 1982
	Crato	podridão estilar	CFC 1983
	Crato	podridão estilar	CFC 2001
	Farias Brito	podridão estilar	CFC 1992
	Farias Brito	podridão apical	CFC 1993
	Farias Brito	podridão apical	CFC 1994
	Farias Brito	podridão estilar	CFC 1995
	Farias Brito	podridão apical	CFC 1996

Tabela 2 – Continuação

Estado	Município	Sintoma no fruto	Código¹
Ceará	Jardim	podridão apical	CFC 1964
	Jardim	podridão apical	CFC 1965
	Jardim	podridão apical	CFC 1974
	Jardim	podridão estilar	CFC 1981
	Juazeiro do Norte	podridão estilar	CFC 1970
	Missão Velha	podridão estilar	CFC 1962
	Missão Velha	podridão apical	CFC 1963
	Missão Velha	podridão apical	CFC 1971
	Missão Velha	podridão estilar	CFC 1988
	Missão Velha	podridão apical	CFC 2008
	Missão Velha	podridão estilar	CFC 2009
	Nova Olinda	podridão apical	CFC 1977
	Nova Olinda	podridão estilar	CFC 1979
	Porteiras	podridão apical	CFC 1972
	Porteiras	podridão estilar	CFC 1973
	Porteiras	podridão estilar	CFC 2012
Pernambuco	Petrolina	podridão estilar	CFC 1976
	Petrolina	podridão apical	CFC 1978
Rio Grande do Norte	Ceará-Mirim	podridão apical	CFC 1984
	Ceará-Mirim	podridão estilar	CFC 1985
	Ceará-Mirim	podridão apical	CFC 1986
	Ceará-Mirim	podridão estilar	CFC 1987

¹CFC = Coleção de Culturas de Fungos Fitopatogênicos do Cariri, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri, Campus Crato (Crato, Ceará, Brasil)

Fonte: elaborada pelo autor.

A análise filogenética dos isolados, com base nas sequências da região ITS e de partes dos genes EF1- α e TUB2, permitiu a identificação de seis espécies de *Lasiodiplodia*, sendo *L. brasiliensis* M.S.B. Netto, M.W. Marques & A.J.L. Phillips a mais frequente, representando 43,4% do total de isolados, seguida por *L. theobromae* (17,0%), *L. pseudotheobromae* (15,1%), *L. hormozganensis* (13,2%), *L. iraniensis* (5,7%) e *L. euphorbiaceicola* A.R. Machado & O.L. Pereira (3,8%). Um isolado (CFC 1966) não se agrupou em nenhum clado de espécies de *Lasiodiplodia* reconhecido (Figura 2).

Figura 2 – Árvore filogenética baseada na análise da Máxima Verossimilhança das sequências da região ITS e de partes dos genes EF1- α e TUB2 dos isolados de *Lasiodiplodia* desse estudo. Os valores de bootstrap são mostrados nos ramos. As sequências dos isolados deste estudo estão em negrito

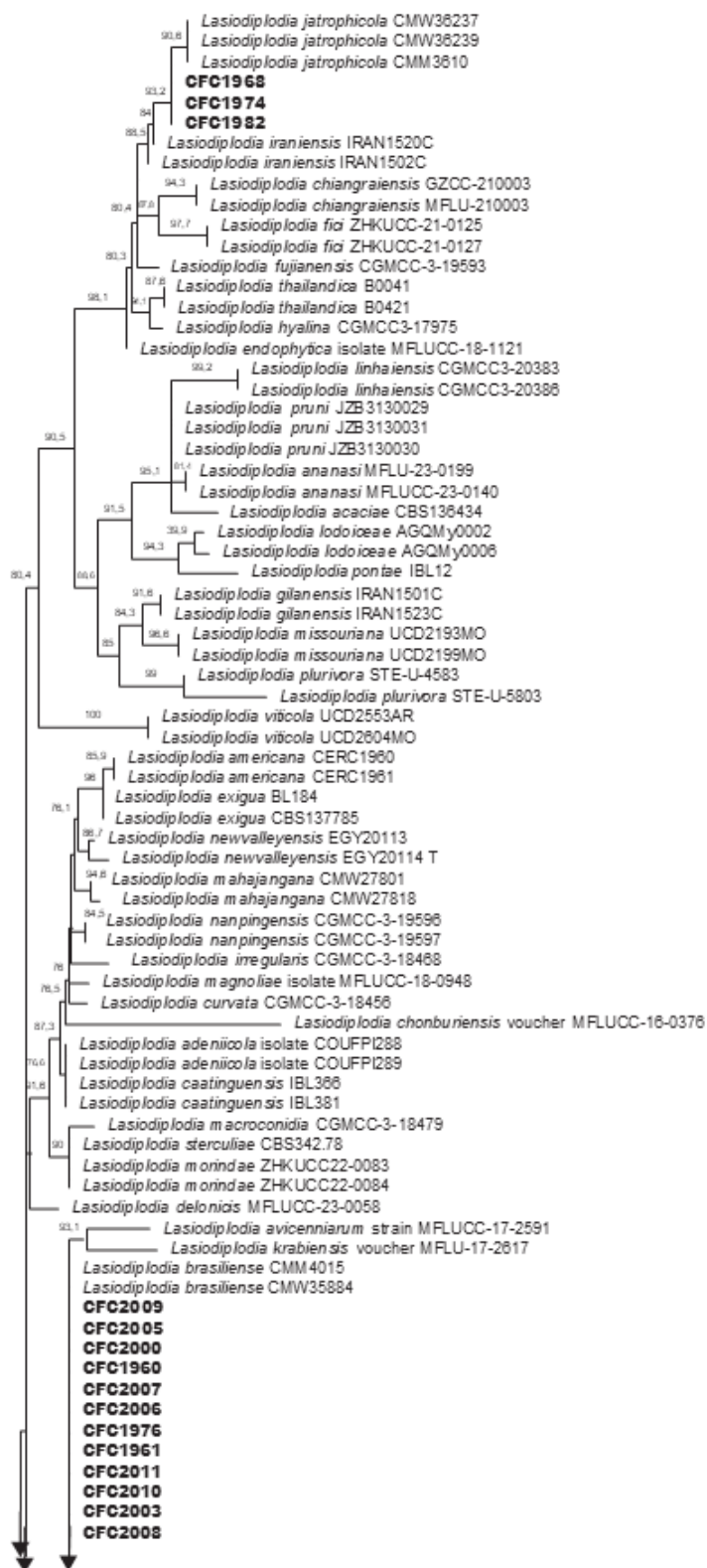


Figura 2 – Continuação

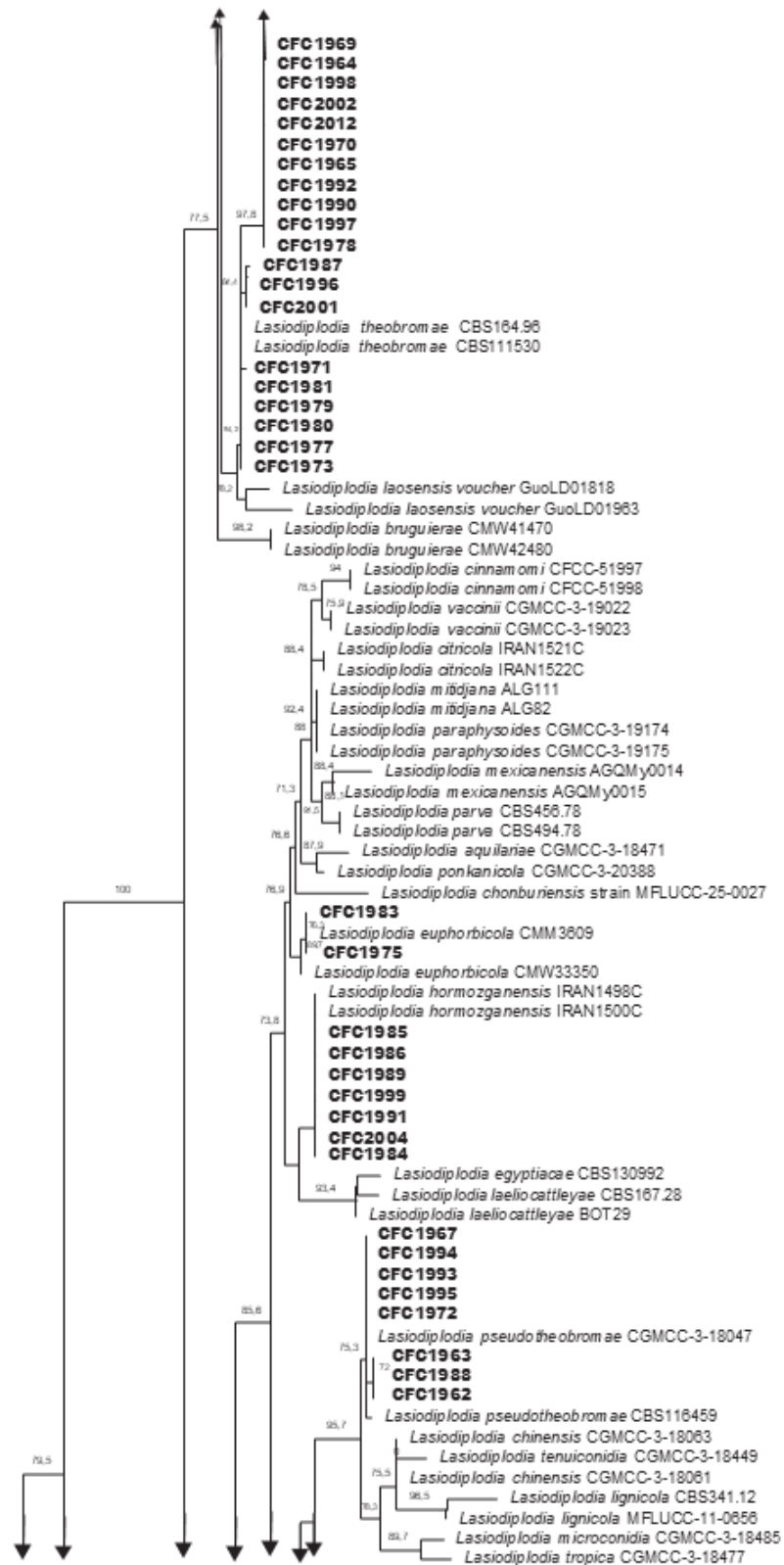
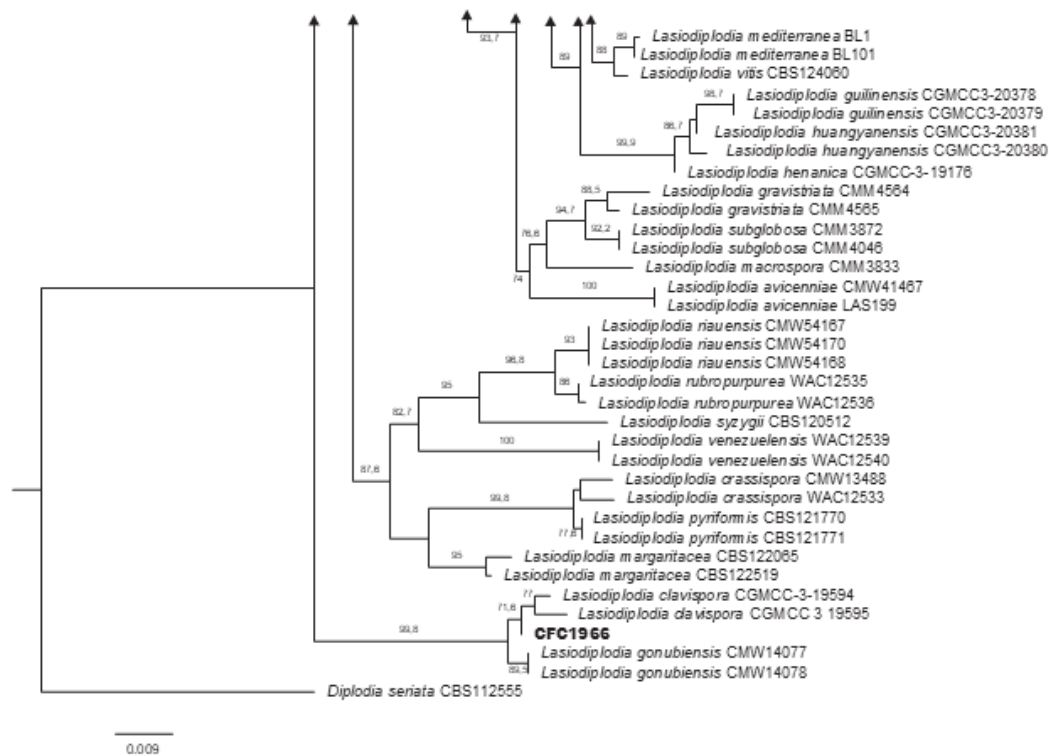


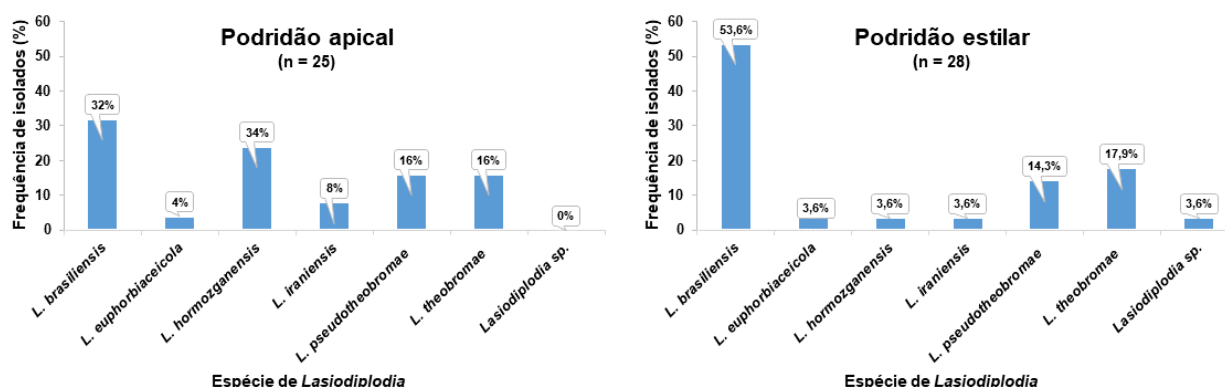
Figura 2 – Continuação



Fonte: elaborada pelo autor.

Considerando o tipo de sintoma observado, as seis espécies de *Lasiodiplodia* foram detectadas tanto em frutos com podridão apical quanto em frutos com podridão estilar. Entre os 25 isolados obtidos a partir de frutos com podridão apical, predominou *L. brasiliensis* (32,0%), seguida por *L. hormozganensis* (24%), *L. pseudotheobromae* (16%), *L. theobromae* (16%), *L. iraniensis* (8%) e *L. euphorbiaceicola* (4%). Entre os 28 isolados provenientes de frutos com podridão estilar, *L. brasiliensis* também foi a espécie mais frequente (53,6%), seguida por *L. theobromae* (17,9%) e *L. pseudotheobromae* (14,3%), enquanto as demais espécies e o clado sem identificação específica apresentaram menor frequência (3,6%) (Figura 3).

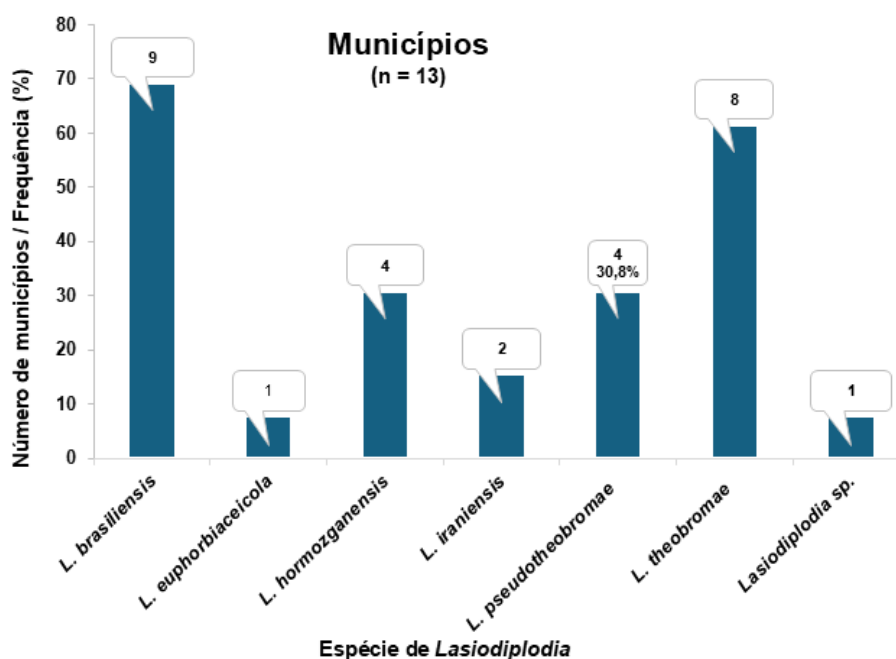
Figura 3 – Frequência de espécies de *Lasiodiplodia* detectadas em frutos de goiaba com podridões apical e estilar no Nordeste brasileiro



Fonte: elaborada pelo autor.

Considerando a origem geográfica dos isolados, *L. brasiliensis* apresentou a maior distribuição, registrada em nove (69,2%) dos 13 municípios amostrados, seguida por *L. theobromae*, detectada em oito (61,5%) dos municípios amostrados. As demais espécies apresentaram distribuição mais restrita, variando de um município (7,7%), no caso de *L. euphorbiaceicola* e *Lasiodiplodia sp.*, a quatro municípios (30,8%), no caso de *L. pseudotheobromae* e *L. euphorbiaceicola* (Figura 4).

Figura 4 – Número e frequência de municípios do Nordeste brasileiro em que espécies de *Lasiodiplodia* foram constatadas em frutos de goiaba com podridões apical e estilar



Fonte: elaborada pelo autor.

6 DISCUSSÃO

No presente estudo, a identificação molecular permitiu reconhecer seis espécies de *Lasiodiplodia* associadas às podridões apical e estilar da goiaba: *L. brasiliensis*, *L. euphorbiaceicola*, *L. hormozganensis*, *L. iraniensis*, *L. pseudotheobromae* e *L. theobromae*. Esse resultado está em consonância com o atual entendimento taxonômico de Botryosphaeriaceae, segundo o qual a prática anterior de atribuir numerosos isolados apenas a *L. theobromae* foi progressivamente substituída por abordagens multilocus, responsáveis por revelar um conjunto expressivo de espécies crípticas (Phillips *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2021; Rathnayaka *et al.*, 2023). Nesse contexto, embora as características culturais sejam relevantes para o reconhecimento do gênero, elas não são suficientes para a delimitação segura das espécies, o que evidencia a importância da identificação molecular para a correta caracterização taxonômica dos isolados (Phillips *et al.*, 2013).

Dentre as seis espécies de *Lasiodiplodia* constatadas nesse estudo, quatro já haviam sido previamente relatadas em associação com frutos de goiaba: *L. hormozganensis* e *L. iraniensis* em Taiwan (Ko *et al.*, 2023); *L. pseudotheobromae* em Taiwan (Ko *et al.*, 2023) e em Gana (Honger *et al.*, 2026); e *L. theobromae* na Malásia (Zee; Asib; Ismail, 2021) e em Taiwan (Ko *et al.*, 2023). Por outro lado, nenhuma das espécies havia sido anteriormente registrada em associação com a goiabeira no Brasil. Assim, a detecção de *L. brasiliensis*, *L. euphorbiaceicola*, *L. hormozganensis*, *L. iraniensis*, *L. pseudotheobromae* e *L. theobromae* representa o primeiro relato dessas espécies associadas à goiaba no país. Além disso, este estudo representa o primeiro relato, em nível mundial, da associação de *L. brasiliensis* e *L. euphorbiaceicola* às podridões da goiaba.

A identificação de múltiplas espécies de *Lasiodiplodia* sugere que a goiabeira constitui um hospedeiro favorável à colonização por patógenos latentes, capazes de permanecer assintomáticos até que condições predisponentes, como a maturação dos frutos, o estresse hídrico ou injúrias mecânicas, favoreçam a manifestação da doença. Esse padrão é bem documentado para Botryosphaeriaceae em fruteiras, grupo no qual espécies filogeneticamente distintas frequentemente estão associadas a quadros semelhantes de podridão (Slippers; Wingfield, 2007; Phillips *et al.*, 2013). Adicionalmente, a diversidade observada nos frutos de goiaba do Nordeste brasileiro indica que a composição de espécies de *Lasiodiplodia* pode ser influenciada por fatores como região geográfica, hospedeiro e condições ambientais (Phillips *et al.*, 2013).

Pelos resultados obtidos, as podridões apical e estilar da goiaba no Nordeste brasileiro não correspondem a um patossistema monoespecífico, mas sim a um complexo etiológico de *Lasiodiplodia*, no qual várias espécies coexistem, se distribuem amplamente e podem estar associadas aos dois padrões sintomatológicos observados, pois as seis espécies de *Lasiodiplodia* foram detectadas tanto em frutos com podridão apical quanto em frutos com podridão estilar.

Do ponto de vista epidemiológico, isso sugere baixa especificidade sintomatológica entre as espécies de *Lasiodiplodia* associadas à goiaba. Ou seja, o tipo de sintoma final aparentemente não depende exclusivamente da identidade do fungo, mas sim do resultado integrado entre a espécie, o isolado, o tecido colonizado, o estado fisiológico do fruto e as condições ambientais. Essa abordagem é consistente com a literatura recente, na qual diferentes espécies de *Lasiodiplodia* podem produzir quadros de podridão bastante semelhantes, enquanto a mesma espécie pode estar envolvida em podridões de fruto e em vários outros sintomas em diferentes hospedeiros (Manawasinghe *et al.*, 2016; Guerrero *et al.*, 2025). Além disso, a capacidade de algumas espécies atuarem como patógenos latentes ou até como endófitos oportunistas ajuda a explicar por que a expressão sintomática pode variar sem que haja correspondência entre a espécie e o fenótipo da doença (Slippers; Wingfield, 2007).

Mesmo sem exclusividade sintomatológica, foram observadas diferenças quantitativas entre os dois tipos de podridão. Em frutos com podridão apical, houve uma composição mais equilibrada entre as espécies, com destaque para *L. brasiliensis* e *L. hormozganensis*. Em relação à podridão estilar, *L. brasiliensis* foi claramente dominante. Isso permite levantar a hipótese de que há vantagens ecológicas ou competitivas distintas entre as espécies no patossistema da goiaba. No entanto, essa interpretação deve ser feita com cautela, pois a frequência de isolamento não é sinônimo de agressividade. Estudos com *Lasiodiplodia* em outros frutos mostram que espécies menos frequentes em levantamentos populacionais podem ser altamente agressivas em testes de patogenicidade, e que a agressividade pode variar inclusive entre isolados da mesma espécie (Xu *et al.*, 2024). Portanto, a maior frequência de *L. brasiliensis* indica maior sucesso ecológico no sistema amostrado, mas não permite, isoladamente, concluir que ela seja a espécie mais agressiva em goiaba.

A predominância de *L. brasiliensis* nos dois tipos de podridão em goiaba é um aspecto biologicamente relevante. Embora essa espécie seja amplamente registrada em fruteiras tropicais no Brasil, sua dominância relativa em goiaba, contrasta com espécies que frequentemente predominam em levantamentos realizados em outras fruteiras do Nordeste brasileiro, como *L. theobromae* e *L. pseudotheobromae* (Netto *et al.*, 2014, 2017; Correia *et al.*,

2016; Machado *et al.*, 2019; França *et al.*, 2025), sugere a ocorrência de interações particulares entre essa espécie fúngica, o genótipo da goiabeira e as condições ambientais regionais. Portanto, há necessidade de estudos adicionais que incorporem amostragem mais abrangente, análises dos efeitos de variáveis climáticas e de práticas de manejo, bem como ensaios experimentais de patogenicidade. Investigações mais aprofundadas poderão esclarecer se a predominância de *L. brasiliensis* está relacionada à maior afinidade por tecidos da goiabeira, a um vigor competitivo superior em microambientes específicos ou à influência de fatores bióticos e abióticos regionais, aspectos essenciais para subsidiar o desenvolvimento de estratégias de manejo fitossanitário mais eficientes.

A ampla ocorrência de *L. theobromae*, presente em 8 dos 13 municípios amostrados no Nordeste brasileiro, não deve ser subestimada. Essa distribuição extensa é compatível com o perfil de uma espécie generalista, cosmopolita e com ampla plasticidade ecológica. Em termos epidemiológicos, isso é muito importante, porque espécies generalistas tendem a persistir em múltiplas fontes de inóculo, inclusive tecidos assintomáticos ou infecções latentes, e a emergir quando o fruto amadurece ou entra em estresse pós-colheita (Guerrero *et al.*, 2025).

A detecção de espécies menos frequentes, como *L. iraniensis*, *L. hormozganensis* e *L. euphorbiaceicola*, amplia o significado do estudo para além de um simples levantamento de frequência e mostra que a comunidade de *Lasiodiplodia* associada à goiaba é taxonomicamente mais rica do que considerada anteriormente. Além disso, o aparecimento de um clado sem identificação específica reforça ainda mais esse ponto, pois pode representar um táxon ainda não resolvido, uma linhagem pouco amostrada, ou uma situação em que os marcadores utilizados, embora robustos, ainda não foram suficientes para separar completamente todos os isolados. Portanto, em vez de esse resultado ser visto como limitação, pode ser entendido como evidência de que a diversidade associada à goiaba ainda está subestimada.

Do ponto de vista epidemiológico, o primeiro registro mundial da associação de *L. brasiliensis* e *L. euphorbiaceicola* com podridões da goiaba indica que essas espécies podem desempenhar um papel até então não reconhecido na etiologia da doença.

Em conjunto, os resultados demonstram que as podridões apical e estilar da goiaba no Nordeste brasileiro estão associadas a um complexo de espécies de *Lasiodiplodia*, sem associação exclusiva entre espécie e tipo de sintoma. A predominância de *L. brasiliensis* e a ampla distribuição de *L. theobromae* sugerem a existência de uma comunidade patogênica regionalmente estruturada, na qual espécies dominantes e espécies menos frequentes coexistem e potencialmente contribuem de forma distinta para a epidemiologia da doença. A ocorrência de um clado sem identificação específica reforça, ainda, que a diversidade de *Lasiodiplodia*

associada à goiabeira pode estar subestimada. Além disso, os resultados deste estudo destacam a necessidade de revisão dos agentes etiológicos associados às podridões apical e estilar da goiaba, bem como de estudos complementares de patogenicidade e epidemiologia, a fim de determinar o impacto real dessas espécies na produção e na pós-colheita. Tais informações são fundamentais para o desenvolvimento de estratégias de manejo fitossanitário mais precisas, baseadas no reconhecimento da diversidade real de patógenos envolvidos.

7 CONCLUSÕES

1. Seis espécies de *Lasiodiplodia* estão associadas a frutos de goiaba com podridão apical e podridão estilar no Nordeste brasileiro: *Lasiodiplodia brasiliensis*, *L. iraniensis*, *L. euphorbiaceicola*, *L. hormozganensis*, *L. pseudotheobromae* e *L. theobromae*;
2. Um isolado de *Lasiodiplodia*, sem identificação específica, está associado a fruto de goiaba com podridão estilar no Nordeste brasileiro;
3. Este estudo constitui o primeiro registro, no Brasil, da associação de *L. brasiliensis*, *L. iraniensis*, *L. euphorbiaceicola*, *L. hormozganensis*, *L. pseudotheobromae* e *L. theobromae* com podridões da goiaba;
4. Este é o primeiro relato, em nível mundial, da associação de *L. brasiliensis* e *L. euphorbiaceicola* com podridões em goiaba;
5. *Lasiodiplodia brasiliensis* é a espécie mais frequente do complexo associado a frutos de goiaba no Nordeste brasileiro, indicando destacada importância epidemiológica no hospedeiro e na região estudada.

REFERÊNCIAS

ALKAN, N.; FORTES, A. M. Insights into molecular and metabolic events associated with fruit response to post-harvest fungal pathogens. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, e889, 2015. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00889>.

ALVES, A. *et al.* Morphological and molecular data reveal cryptic speciation in *Lasiodiplodia theobromae*. **Fungal Diversity**, v. 28, n. 1, p. 1-13, 2008. <http://www.fungaldiversity.org/fdp/sfdp/28-1.pdf>

ANGULO-LÓPEZ, J. E. *et al.* Guava (*Psidium guajava* L.) Fruit and valorization of industrialization by-products. **Processes**, v. 9, e1075, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/pr9061075>.

BALLEN, F. H.; EVANS, E. A. Production and trade. In: MITRA, S. (ed.). **Guava: botany, production and uses**. Wallingford: CAB International, 2021. p. 22-32.

BARBOSA, F. R. **Goiaba: Fitossanidade**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. (Frutas do Brasil, 18).

BARBOSA, F. R.; LIMA, M. F. **A cultura da goiaba**. 2. ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2010. (Coleção Plantar, 66).

BATISTA, E.; LOPES, A.; ALVES, A. What do we know about Botryosphaeriaceae? An overview of a worldwide cured dataset. **Forests**, v. 12, n. 3, e 313, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/f12030313>.

BHATTACHERJEE, A. K.; TANDON, D. K. Composition and processing. In: MITRA, S. (ed.). **Guava: botany, production and uses**. Wallingford: CAB International, 2021. p. 33-63.

BHUNJUN, C. S. *et al.* Do all fungi have ancestors with endophytic lifestyles? **Fungal Diversity**, v. 125, v. 1, p. 73-98, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-023-00516-5>.

CARDOSO, J. E.; MAIA, C. B.; PESSOA, M. N. G. Occurrence of *Pestalotiopsis psidii* and *Lasiodiplodia theobromae* causing stem rot of guava plants in the State of Ceara, Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, suplemento, p. 320, 2002.

CARVALHO, A. F. S. *et al.* Estudo da morfologia externa e interna das folhas de *Psidium guajava* L. Myrtaceae (goiabeira). **Revista Fitos**, v. 18, n. 1, e1568, 2024. DOI: <https://doi.org/10.32712/2446-4775.2024.1568>.

CASTELLANI, A. Viability of some pathogenic fungi in distilled water. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 42, n. 15, p. 225-226, 1939

CASTRO, J. M. C.; RIBEIRO, J. M. **Pesquisa e desenvolvimento para a cultura da goiabeira: a contribuição da Embrapa Semiárido**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2020. (Embrapa Semiárido. Documentos, 297).

CEDEÑO, L. *et al.* Podredumbre marron en furtos del guayabo causada por *Dothiorella*, fase conidial de *Botryosphaeria dothidea*, en los estados de Merida y Zulia, Venezuela. **Fitopatologia Venezolana**, v. 11, n. 1, p. 16-23, 1998.

CORREIA, K. C. *et al.* Phylogeny, distribution and pathogenicity of *Lasiodiplodia* species associated with dieback of table grape in the main Brazilian exporting region. **Plant Pathology**, v. 65, n. 1, p. 92-103, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppa.12388>.

COUTINHO, I. B. L. *et al.* Diversity of genus *Lasiodiplodia* associated with perennial tropical fruit plants in northeastern Brazil. **Plant Pathology**, v. 66, n. 1, p. 90-104, 2017. DOI: <https://doi.org/2017.10.1111/ppa.12565>.

CROUS, P. W. *et al.* Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. **Studies in Mycology**, v. 55, n. 2, p. 235-253, 2006. DOI: <https://doi.org/10.3114/sim.55.1.235>

DISSANAYAKE, A. J. *et al.* Botryosphaeriaceae: current status of genera and species. **Mycosphere**, v. 7, p. 1001-1073, 2016. DOI: <https://doi.org/10.5943/mycosphere/si/1b/13>.

FISCHER, I. H. *et al.* Danos em pós-colheita de goiabas na Região do Centro-Oeste Paulista. **Bragantia**, v. 70, n. 3, p. 570-576, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052011000300012>.

FISCHER, I. H. *et al.* Controle da podridão apical da goiaba com tratamentos alternativos em pós-colheita. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 13, n. 4, p. 308-317, 2017. DOI: <https://doi.org/10.30969/acsa.v13i4.922>.

FRANÇA, K. R. S. *et al.* Diversity and pathogenicity of *Lasiodiplodia* species associated with banana crown rot in Northern and Northeastern Brazil. **Scientific Reports**, v. 15, e38802, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-22739-z>.

GERRERO, J. L. *et al.* *Lasiodiplodia*. In: AMARESAN, N.; KUMAR, K. (eds.). **Compendium of phytopathogenic microbes in agro-ecology**. Cham: Springer Nature, 2025. p. 431-460.

GLASS, N. L.; DONALDSON, G. C. Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 61, n. 4, p.1323-30, 1995. DOI: <https://doi.org/10.1128/aem.61.4.1323-1330.1995>.

HONGER, J. O. *et al.* First report of a stylar end rot disease of guava fruits caused by *Lasiodiplodia pseudotheobromae* in Ghana. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 142, e103051, 2026. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2025.103051>

IBGE (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA). **Produção agrícola municipal** [online]. Rio de Janeiro, IBGE: 2024. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=resultados>. Acesso em: 05 mar. 2026.

INDEX FUNGORUM. **Index fungorum** [online]. Kew: Royal Botanic Gardens, 2026. Disponível em: <http://www.indexfungorum.org>. Acesso em: 22 mar. 2026.

ITFNet (INTERNATIONAL TROPICAL FRUITS NETWORK). **Prospects and expansion of guava production and trade**. Kuala Lumpur: ITFNet, 2024. Disponível em: <https://www.itfnet.org/v1/wp-content/uploads/2024/02/guava-report-with-eisbn-v2.pdf>. Acesso em: 1 fev. 2026.

JIMENEZ, A.; SANTOS, R. Estudos biológicos y morfológicos del hongo causante de la pudrición apical de los frutos del guayabo (*Psidium guajava* L.). **Revista de la Facultad de Agronomía del Zulia**, v. 9, n. 2, p. 77-96, 1992.

JUNQUEIRA, N. T. V. *et al.* **Doenças da goiabeira no Cerrado**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2001. (Embrapa Cerrados. Circular Técnica, 15).

KO, Y.-Z. *et al.* Unveiling cryptic species diversity and genetic variation of *Lasiodiplodia* (Botryosphaeriaceae, Botryosphaeriales) infecting fruit crops in Taiwan. **Journal of Fungi**, v. 9, e950, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof9090950>.

KUMAR, S.; STECHER, G.; TAMURA, K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. **Molecular Biology and Evolution**, v. 33, n.7, p. 1870-1874, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>.

LANDRUM, L. R. *Psidium guajava* L.: Taxonomy, relatives and possible origin. In: MITRA, S. (ed.). **Guava: botany, production and uses**. Wallingford: CAB International, 2021. p. 1-21.

LIM, T. -K.; MANICOM, B. Q. Diseases of guava PLOETZ, R.C. (ed.). **Diseases of tropical fruit crops**. Wallingford: CABI Publishing, 2003. p. 275-289.

MACHADO, A. R. *et al.* Botryosphaeriaceae species causing dieback on Annonaceae in Brazil. **Plant Pathology**, v. 68, n. 7, p. 1394-1406, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppa.13060>.

MANAWASINGHE, I. S. *et al.* Mycosphere Essays 14: Assessing the aggressiveness of plant pathogenic Botryosphaeriaceae. **Mycosphere**, v. SI/1B/7, p. 1-10, 2016. DOI: <https://doi.org/10.5943/mycosphere/si/1b/7>.

MARTINS, M. C. *et al.* Incidência de danos pós-colheita em goiabas no mercado atacadista de São Paulo e sua relação com a prática de ensacamento dos frutos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 2, p. 245-248, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000200011>.

METHELA, N. J. *et al.* Morphological characterization of guava germplasm (*Psidium* sp.). **Journal of Bioscience Science and Agriculture Research**, v. 20, n. 1, p. 1671-1680, 2019. DOI: <https://doi.org/10.18801/jbar.200119.203>.

MINH, Q. *et al.* IQ-TREE2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. **Molecular Biology and Evolution**, v. 37, n. 5, p. 1530-1534, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>.

MISRA, A. K. Guava diseases - their symptoms, causes and management. In: NAQVI, S. A. M. H. (ed.). **Diseases of fruits and vegetables**. Dordrecht: Kluwer, 2004. v. 2, p. 81-119, 2004.

MISRA, A. S. Diseases. In: MITRA, S. (ed.). **Guava: botany, production and uses**. Wallingford: CAB International, 2021. p. 285-328.

MITRA, S. Cultivars and plant improvement. In: MITRA, S. (ed.). **Guava: botany, production and uses**. Wallingford: CAB International, 2021. p. 110-147.

MYCOBANK. **MYCOBANK database**: Fungal databases, nomenclature & species banks [online]. Utrecht: Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, 2026. Disponível em: <https://www.mycobank.org/>. Acesso em: 15 mar. 2026.

NETTO, M. S. B. *et al.* Species of *Lasiodiplodia* associated with papaya stem-end rot in Brazil. **Fungal Diversity**, v. 67, n. 1, p.127-141, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-014-0279-4>.

NETTO, M. S. B. *et al.* Analysis of *Botryosphaeriaceae* associated with gummosis of cashew (*Anacardium occidentale*) in Brazil. **Fungal Biology**, v. 121, n. 4, p. 437-451, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2016.07.006>.

NGUYEN, L. T. *et al.* IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, v. 32, n. 1, p. 268-274, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>.

NOBRE, P. T. *et al.* The impact of dietary supplementation with guava (*Psidium guajava* L.) agroindustrial waste on growth performance and meat quality of lambs. **Meat Science**, v. 164, e108105, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108105>.

NOGUEIRA JÚNIOR, A. F. *et al.* Identification of *Botryosphaeriaceae* species that cause stylar-end rot of guavas and characterisation of the disease monocycle. **European Journal of Plant Pathology**, v. 144, n. 2, p. 271-287, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-015-0765-x>.

PARRA CORONADO, A. Maduración y comportamiento poscosecha de la guayaba (*Psidium guajava* L.). Una revisión. **Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas**, v. 8, n. 2, p. 314-327, 2015. DOI: <https://doi.org/10.17584/rcch.2014v8i2.3223>.

PAULL, R. E.; DUARTE, O. *Tropical fruits*. 2. ed. v. 2. Wallingford: CAB International, 2012.

PHILLIPS, A. J. L. *et al.* The *Botryosphaeriaceae*: Genera and species known from culture. **Studies in Mycology**, v. 76, n. 1, p. 51-167, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3114/sim0021>.

PHILLIPS, A. J. L. *et al.* Families in *Botryosphaeriales*: a phylogenetic, morphological and evolutionary perspective. **Fungal Diversity**, v. 94, n. 1, p. 1-22, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-018-0416-6>.

PICCININ, E. *et al.* Doenças da goiabeira. In: AMORIM, L. *et al.* (ed.). **Manual de fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. 4. ed. Ouro Fino: Ceres, 2016. v. 2, p. 463-468.

PROENÇA, C. E. B. *et al.* Diversity, phylogeny and evolution of the rapidly evolving genus *Psidium* L. (Myrtaceae, Myrteae). **Annals of Botany**, v. 129, n. 4, p. 367-388, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1093/aob/mcac005>.

PUNITHALINGAM, E. **Plant diseases attributed to *Botryodiplodia theobromae***. Vaduz: J. Cramer, 1976.

RAMBAUT, A. **Figtree, a graphical viewer of phylogenetic trees**. 1.4.2 ed. [online]. 2014. University of Edinburgh, Edinburgh, Scotland. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/>. Acesso em: 15 out. 2025.

RATHNAYAKA, A. R. *et al.* *Lasiodiplodia*: Generic revision by providing molecular markers, geographical distribution and haplotype diversity. **Mycosphere**, v. 14, n. 1, p. 1254-1339, 2023. DOI: <https://doi.org/10.5943/mycosphere/14/1/14>.

RBG (ROYAL BOTANIC GARDENS). **Plants of the world online** [online]. London: Royal Botanic Gardens, 2025. Disponível em: <https://powo.science.kew.org>. Acesso em: 18 dez. 2025.

ROJAS-SANDOVAL, J.; ACEVEDO-RODRÍGUEZ, P. *Psidium guajava* (guava) [online]. In: CABI. **CABI compendium**. Wallingford: CAB International, 2013. Disponível em: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.1079/cabicompendium.45141>. Acesso em: 19 dez. 2025.

SANTOS, W. N. L. *et al.* Simultaneous determination of 13 phenolic bioactive compounds in guava (*Psidium guajava* L.) by HPLC-PAD with evaluation using PCA and neural network analysis (NNA). **Microchemical Journal**, v. 133, n. 8, p. 583-592, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.microc.2017.04.029>.

SEMWAL, D. P. *et al.* Diversity distribution analysis of guava (*Psidium guajava* L.) populations in cultivated and wild habitats in the Mid-Hills of Uttarakhand, India. **Agriculture**, v. 14, n. 4, e 575, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture14040575>.

SINGH, D.; SHARMA, R. R.; KESHARWANI, A. K. Postharvest losses of horticultural produce. In: SINGH, D. (ed.). **Postharvest handling and diseases of horticultural produce**. Boca Raton: CRC Press, 2021. p. 2-23.

SIQUEIRA, K. M. M. *et al.* Polinização da goiabeira (*Psidium guajava* L.). **Magistra**, v. 24, p. 150-157, 2012.

SLIPPERS, B. *et al.* Diversity in the Botryosphaeriales: Looking back, looking forward. **Fungal Biology**, v. 121, n. 4, p. 307-321, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2017.02.002>.

SLIPPERS, B.; WINGFIELD, M. J. *Botryosphaeriaceae* as endophytes and latent pathogens of woody plants: diversity, ecology and impact. **Fungal Biology Reviews**, v. 21, n. 2/3, p. 90-106, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2007.06.002>.

SOUZA, H. V. *et al.* Guava tree (*Psidium guajava* L.) associated with arbuscular mycorrhizal fungi: A systematic review. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, v. 24, p. 4641-4655, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42729-024-01860-4>.

STADEN, R.; BEAL, K. F.; BONFIELD, J. K. The staden package, 1998. In: MISENER, S.; KRAWETZ, S. A. (ed.). **Bioinformatics methods and protocols**. Totowa: Humana Press, 1998. p. 115-130.

STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and postanalysis of large phylogenies. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1312-1313, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>.

SUSSEL, A. A. B. **Manejo de doenças fúngicas em goiaba e maracujá**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2010. (Embrapa Cerrados. Documentos, 294)

THOMPSON, J. D. *et al.* The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. **Nucleic Acids Research**, v. 25, n. 24, p. 4876-4882, 1997. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/25.24.4876>.

TRIDGE. **Fresh guava** [online]. 2026. Disponível em: <https://www.tridge.com/intelligences/guava/production>. Acesso em: 15 mar. 2026.

USDA (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE). **USDA fungal databases** [online]. Beltsville: USDA, 2025. Disponível em: <https://fungi.ars.usda.gov/>. Acesso em: 08 mar. 2026.

VENTURA, J. A. *et al.* Doenças da goiabeira e estratégias de controle. In: CAETANO, L. C. S.; COSTA, A. F. S.; COSTA, A. N. (org.). **Tecnologias para a produção de goiaba**. 2. ed. Vitoria: Incaper, 2024. p. 207-275.

WANG, C. L.; HSIEH, H. Y. Occurrence and pathogenicity of stem canker of guava in Taiwan caused by *Botryosphaeria rhodina*. **Plant Pathology Bulletin**, v. 15, n. 4, p. 219-230, 2006.

WHITE, T. J. *et al.* Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M. A. *et al.* (eds.). **PCR protocols: a guide to methods and applications**. San Diego: Academic Press, 1990. p. 315-322.

XU, L. *et al.* Identity, pathogenicity, and genetic diversity of *Lasiodiplodia* species associated with stem-end rot of avocado in China. **Plant Disease**, v. 108, n. 9, p. 2630-2644, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-23-1939-SR>.

YANG, T. *et al.* Families, genera, and species of Botryosphaerales. **Fungal Biology**, v. 121, n. 4, p. 322-346, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2016.11.001>.

YOUNG, N. D.; HEALY, J. GapCoder automates the use of indel characters in phylogenetic analysis. **BMC Bioinformatics**, v. 4, n. 1, p. 6, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-4-6>.

ZEE, K. Y.; ASIB, N.; ISMAIL, S. I. First report of *Lasiodiplodia theobromae* causing postharvest fruit rot on guava (*Psidium guajava*) in Malaysia. **Plant Disease**, v. 105, n. 9, p. 2716, 2021. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-20-2732-PDN>.

ZHANG, W. *et al.* Evaluating species in Botryosphaerales. **Persoonia**, v. 46, n. 1, p. 63-115, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3767/persoonia.2021.46.03>.

ZHANG, Z. *et al.* A greedy algorithm for aligning DNA sequences. **Journal of Computational Biology**, v. 7, N. 1-2, p. 203-214, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1089/10665270050081478>.



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CARIRI (UFCA)

DECLARAÇÃO

Declaro para os devidos fins que este a dissertação intitulada em **DIVERSIDADE DE ESPÉCIES DE *Lasiodiplodia* ASSOCIADAS ÀS PODRIDÕES APICAL E ESTILAR DA GOIABA**, apresentada como Trabalho de Conclusão de mestrado (Dissertação), escrito sob minha orientação, está em versão final, de acordo com as solicitações realizadas pela banca examinadora.

Informo também que procedi à revisão final do texto, constatando que atende às especificações das normas da ABNT para apresentação de trabalhos acadêmicos da UFCA, no que diz respeito ao conteúdo e à formatação.

Crato - CE, 24 de junho de 2026

Profa. Dra. Kamila Câmara Correia – Orientadora (UFCA)