

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo desta dissertação será disponibilizado somente a partir de 27/02/2026.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**“CARACTERIZAÇÃO CULTURAL E MOLECULAR DE
ESPÉCIES DE *Fusarium* ASSOCIADAS À CANA-DE-
AÇÚCAR”**

**Ana Carolina Sobreira Soares
Bacharel em Ciências Biológicas**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**“CARACTERIZAÇÃO CULTURAL E MOLECULAR DE
ESPÉCIES DE *Fusarium* ASSOCIADAS À CANA-DE-
AÇÚCAR”**

Discente: Ana Carolina Sobreira Soares

Orientadora: Prof^a Dra. Luciana Rossini Pinto Machado da Silva

Coorientadores: Dr. Laudecir Lemos Raiol Júnior;

Dra. Luciana Oliveira Souza Anjos.

**Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp,
Câmpus de Jaboticabal, como parte das
exigências para a obtenção do título de Mestre
em Agronomia (Genética e Melhoramento de
Plantas).**

2025

S676c

Soares, Ana Carolina Sobreira

Caracterização cultural e molecular de espécies de *Fusarium* associadas à cana-de-açúcar / Ana Carolina Sobreira Soares. -- Jaboticabal, 2025

81 p. : il., tabs., fotos

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientadora: Luciana Rossini Pinto Machado da Silva

Coorientador: Laudecir Lemos Raiol Júnior

1. Fungos. 2. Genética. 3. *Fusarium*. 4. Cana-de-açúcar. I. Título.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: CARACTERIZAÇÃO CULTURAL E MOLECULAR DE ESPÉCIES DE *Fusarium* ASSOCIADAS À CANA-DE-AÇÚCAR

AUTORA: ANA CAROLINA SOBREIRA SOARES

ORIENTADORA: LUCIANA ROSSINI PINTO

COORIENTADOR: LAUDECI R LEMOS RAIOL JÚNIOR

COORIENTADORA: LUCIANA OLIVEIRA SOUZA ANJOS

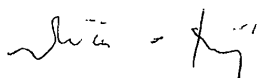
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Comissão Examinadora:



Pesquisadora Dra. LUCIANA ROSSINI PINTO (Participação Presencial)
Centro Avançado de Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Cana / IAC - Ribeirão Preto/SP



Pesquisador Dr. MARCEL FERNANDO DA SILVA (Participação Presencial)
Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) / Ribeirão Preto/SP



Prof. Dr. ANTONIO DE GÓES (Participação Presencial)
Departamento de Fitossanidade / FCAV UNESP Jaboticabal

Jaboticabal, 27 de fevereiro de 2025

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

ANA CAROLINA SOBREIRA SOARES – Nascida em São Bernardo do Campo, SP, no dia 26 de março de 1998. Filha de Cícero Sérgio Soares e Francisca Maria Sobreira Soares. Iniciou o curso de Ciências Biológicas (Bacharel) em 2018, na Universidade Federal da Paraíba - Centro de Ciências Agrárias - Campus II - Areia /PB, que foi concluído em dezembro de 2022. Foi bolsista de iniciação científica pelo CNPq e pela UFPB. Foi bolsista de Extensão e Monitora bolsista pela UFPB. Em março de 2023, ingressou no curso de Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), sendo bolsista da CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus de Jaboticabal.

“É melhor conseguir sabedoria do que ouro;
é melhor ter conhecimento do que prata.”

(Provérbios 16:16 - Bíblia Versão NTLH)

Aos meus pais, Francisca Maria Sobreira Soares e Cícero Sérgio Soares, por todo amor, cuidado, incentivo e dedicação ao longo desses anos.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus por Sua fidelidade e cuidado em minha vida, reconhecendo que todas as coisas estão sob Seu propósito. Diante disso, expresso minha gratidão pela capacitação que Dele recebi para a realização deste trabalho.

À minha querida orientadora, Prof^a Dr^a Luciana Rossini Pinto Machado da Silva, à qual exerce com excelência o seu ofício, me orientando como discente, pesquisadora, profissional e também como ser humano, compartilhando princípios preciosos para todas essas esferas. Agradeço por sua sensibilidade e cuidado, mas principalmente por me ensinar e me desafiar, sempre depositando doses de incentivo que foram essenciais para eu cruzar a linha de chegada.

Aos meus coorientadores, Dr. Laudecir Lemos Raiol Júnior e Dr^a Luciana Oliveira Souza Anjos. Ao Dr. Laudecir, pela orientação e suporte ao longo do desenvolvimento da pesquisa, especialmente durante o período no Laboratório de Fitopatologia do Departamento de Fitossanidade da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Câmpus de Jaboticabal - UNESP, auxiliando na aplicação de técnicas, ajustando metodologias e compartilhando conhecimento científico que muito me enriqueceram. À Dr^a Luciana, pelo suporte prestado ao longo desses dois anos, por sua gentileza e contribuição na disponibilização do material de estudo sob sua curadoria, bem como pelo acesso ao Laboratório de Pesquisa e Desenvolvimento em Fitopatologia do Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) coordenado pelos pesquisadores Dr. Ivan Antônio dos Anjos e a Dr^a Luciana Oliveira Souza Anjos.

Ao Prof^o Dr. Antônio de Goes e ao pesquisador Dr. Ivan Antônio dos Anjos, pelas colaborações ao meu trabalho e por serem os principais responsáveis pelo material coletado em campo.

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Câmpus de Jaboticabal - UNESP, instituição que sediou meu curso de mestrado e me proporcionou oportunidades ímpares, especialmente no acesso a um ensino de excelência por meio de um corpo docente altamente qualificado.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela concessão da bolsa de estudo e pelo incentivo à pesquisa.

Ao Centro de Pesquisa em Engenharia - Fitossanidade em Cana-de-Açúcar (CEPENFITO - São Martinho; Processo FAPESP 17/25258-1) pela disponibilização dos recursos financeiros viabilizando a minha pesquisa.

Ao Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), pela infraestrutura laboratorial, espaços de convivência e pelos profissionais dedicados que promovem e democratizam o acesso à ciência.

À equipe do Laboratório de Biotecnologia do IAC, especialmente aos técnicos Thaís, Kátia e Maicon, por todo suporte, ensino e carinho, tornando o ambiente leve e acolhedor. Agradeço também à Tanuza, que de igual forma, muito me ajudou. Aos pesquisadores Dr. Marcel e Dr. João Ricardo, por suas colaborações valiosas para este estudo.

À Victória Letícia, que de forma bem simplista, foi um presente de Deus para a minha vida. Trouxe cor e ânimo aos meus dias como mestrande. Sou muito grata pelo elo que criamos, pelos desesperos que compartilhamos, pelas conquistas que festejamos e por aquelas que ainda celebraremos juntas.

À equipe do Departamento de Fitossanidade da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Câmpus de Jaboticabal - UNESP, por gentilmente cederem o laboratório para a realização de parte desta pesquisa.

À Dr^a Saura Rodrigues da Silva, por sua contribuição essencial durante a fase final de análise e conclusão da pesquisa.

À minha mãe por ser minha maior incentivadora, por ter sonhado comigo todos esses anos, sendo paciente, aconselhando, sendo meu lar, mesmo que a quilômetros de distância. Ela é minha inspiração, meu espelho, a quem eu mais amo e admiro, e quero retribuir todo esforço e doação ao abdicar tantas vezes de realizações pessoais em meu favor.

Ao meu pai pelo cuidado e incentivo, sempre enfatizando o quão orgulhoso é pela filha que assim como ele, saiu muito nova de casa e não teve medo de enfrentar o “mundo”. Além de reforçar o quanto somos parecidos, no jeito, na agonia e na coragem.

À minha grande amiga Janaina Luíza, que, mesmo à distância, sempre se fez presente e é uma das minhas maiores incentivadoras nessa jornada acadêmica.

Às minhas amigas Millena Araújo, Emily Mirlene, Ellen Vitória e Andrezza Maddalena, às quais me fazem lidar com a saudade e me proporcionam aconchego e cuidado mesmo de longe.

Ao Lucas Medeiros, pelo companheirismo, amizade e suporte que vem desde a graduação e tivemos o privilégio de nos reencontrarmos em São Paulo. Sou muito abençoada em ter você em minha vida.

À Verônica Novais e Ana Pérola Dantas, que em momentos diferentes, deixaram mais leves a tarefa de morar em uma cidade nova, distante dos pais e amigos. Cada uma me marcou individualmente com seus corações gigantes e me agradaram com momentos de muitos sorrisos e companheirismo.

Por fim, agradeço também às minhas tias Zilma e Marlene, e à querida Mara por estarem sempre orando e torcendo e cuidando de mim, vocês são muito amadas. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

SUMÁRIO

Página

Resumo	i
Abstract	ii
1. INTRODUÇÃO	15
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	16
2.1. A cultura da cana-de-açúcar.....	16
2.2. O Brasil como potência no setor canavieiro.....	17
2.3. O patossistema <i>Saccharum-Fusarium</i>	19
2.4. Caracterização morfológica	20
2.5. Caracterização molecular por meio de genes marcadores	20
2.6. <i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i> (AFLP)	22
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	23
3.1. Isolamento e cultivo de isolados monospóricos	23
3.2. Extração de DNA.....	26
3.3. Amplificação e sequenciamento	28
3.4. Análise filogenética.....	28
3.5. Marcadores AFLP (<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>).....	29
3.6. Análise molecular dos dados	31
3.7. Análise da estrutura genética e diversidade	31
3.8. Análise filogenética e de dissimilaridade	32
3.9. Caracterização cultural.....	32
3.10. Análises estatísticas	34
4. RESULTADOS.....	34
4.1. Caracterização molecular	34
4.1.1. Sequenciamento parcial dos genes <i>TEF-1α</i> e <i>RPB2</i>	34
4.2. Marcadores AFLP (<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>).....	40
4.2.1. Teste de combinações dos <i>primers</i> seletivos para o AFLP	40
4.2.2. Análise de estrutura genética, filogenia e dissimilaridade	41
4.3. Caracterização cultural.....	44
4.3.1. Características da colônia.....	44
4.3.2. Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM)	49
5. DISCUSSÃO.....	52
6. CONCLUSÕES.....	59

7. REFERÊNCIAS	60
----------------------	----

“CARACTERIZAÇÃO CULTURAL E MOLECULAR DE ESPÉCIES DE *Fusarium* ASSOCIADAS À CANA-DE-AÇÚCAR”

RESUMO - O gênero *Fusarium* está associado a diversas fitopatologias, possui alta variabilidade genética e adaptação ambiental. A caracterização cultural e molecular de isolados de *Fusarium* spp. é essencial para selecionar isolados para estudos de patogenicidade, e desenvolvimento de cultivares resistentes. O presente estudo teve como objetivo identificar espécies de *Fusarium* spp. a partir de 56 isolados fúngicos das coleções do Laboratório de Pesquisa e Desenvolvimento em Fitopatologia do Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e do Laboratório de Fitopatologia do Departamento de Fitossanidade da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP), coletados em plantas de cana-de-açúcar em duas das principais regiões produtoras de cana-de-açúcar no Brasil, Sudeste e Centro-Oeste, bem como avaliar a estrutura e diversidade genética. O sequenciamento parcial dos genes *TEF-1 α* (primers *EF1/EF2*) e *RPB2* (primers *5f2/7cr*) foi utilizado para a identificação das espécies e análise filogenética por meio do método bayesiano. Foram testadas 42 combinações seletivas para marcadores moleculares do tipo *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) em quatro isolados pertencentes a espécies distintas de *Fusarium* spp., das quais as oito mais polimórficas foram aplicadas em 56 isolados para avaliação da estrutura e diversidade genética. A combinação seletiva com maiores valores PIC, IM e Pr foi E+AAG/M+TCG. A caracterização cultural dos isolados, considerou a coloração das colônias e o Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM). Sete espécies de *Fusarium* spp. foram identificadas pertencentes a dois complexos de espécies: *F. sacchari*, *F. madaense*, *F. annulatum*, *F. caapi* e *F. napiforme* do Complexo de Espécies *Fusarium fujikuroi* (FFSC), e *F. caatingaense* e *F. hainanense* do Complexo de Espécies *Fusarium incarnatum-equiseti* (FIESC). A análise da estrutura genética indicou a distribuição dos isolados em K = 3 grupos genéticos. A diversidade genética estimada para o grupo dos 56 isolados foi moderada ($h=0,205$) assim como para os isolados de *F. sacchari* ($h= 0,184$) e *F. madaense* ($h=0,237$). Para a variável coloração das colônias, não foram observadas diferenças capazes de distinguir isolados por espécie, contudo, para o Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM), houve diferença significativa entre isolados de *F. sacchari* e *F. madaense*. Este estudo colabora para o entendimento da estrutura genética e diversidade de *Fusarium* spp. em cana-de-açúcar nas regiões produtoras investigadas, fornecendo subsídios para estratégias de coleta e enriquecimento de coleções de isolados fúngicos, destacando a importância da representatividade de espécies. Além disso, apoia futuros estudos sobre polimorfismos entre os complexos FIESC e FFSC e o desenvolvimento de estratégias de manejo integrado de doenças.

Palavras-chave: AFLP, Cana-de-açúcar, *Fusarium* spp

"CULTURAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF *Fusarium* SPECIES ASSOCIATED WITH SUGARCANE"

ABSTRACT - The genus *Fusarium* is associated with various phytopathologies, possessing high genetic variability and environmental adaptation. The cultural and molecular characterization of *Fusarium* spp. isolates is essential to select strains for pathogenicity studies and the development of resistant cultivars. This study aimed to identify *Fusarium* spp. species from 56 fungal isolates belonging to the collections of the Laboratório de Pesquisa e Desenvolvimento em Fitopatologia at the Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Cana do Instituto Agronômico de Campinas (IAC) and the Laboratório de Fitopatologia of the Departamento de Fitopatologia at the Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP), collected from sugarcane plants in the Southeast and Midwest regions of Brazil, as well as to evaluate their genetic structure and diversity. Partial sequencing of the *TEF-1 α* genes (primers EF1/EF2) and *RPB2* (primers 5f2/7cr) was used for species identification and phylogenetic analysis using the Bayesian method. Forty-two selective primer combinations for Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) markers were tested on four isolates representing distinct *Fusarium* spp. species, from which the eight most polymorphic combinations were selected and applied to the full set of 56 isolates to assess genetic structure and diversity. The most informative primer combination, based on PIC, MI, and Pr values, was E+AAG/M+TCG. Cultural characterization of the isolates included colony coloration and the Mycelial Growth Rate Index (IVCM). Seven *Fusarium* spp. species were identified, belonging to two species complexes: *F. sacchari*, *F. madaense*, *F. annulatum*, *F. caapi*, and *F. napiforme* (FFSC), and *F. caatingaense* and *F. hainanense* (FIESC). The genetic structure analysis indicated the distribution of the isolates into K = 3 genetic groups. The estimated genetic diversity for the group of 56 isolates was moderate ($h=0.205$), as well as for the isolates of *F. sacchari* ($h=0.184$) and *F. madaense* ($h=0.237$). For the colony coloration variable, no differences were observed to distinguish isolates by species; however, for IVCM, there was a significant difference between isolates of *F. sacchari* and *F. madaense*. This study contributes to the understanding of genetic structure and diversity of *Fusarium* spp. associated with sugarcane in key production regions, providing insights to support targeted sampling strategies and the enrichment of fungal isolate collections, while highlighting the importance of species representativeness. Furthermore, it supports future studies on polymorphisms within the FIESC and FFSC complexes and the development of integrated disease management strategies.

Keywords: AFLP, *Fusarium* spp, Sugarcane

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, com produção estimada para a safra 2024/2025 de 678,67 milhões de toneladas (CONAB, 2024). De acordo com Machado et al. (2015), o setor sucroenergético, impulsionado pela popularização dos veículos flex no Brasil, teve um significativo aumento na produção de cana-de-açúcar nos últimos anos. Ademais, acordos internacionais, estabelecidos ao longo do século XXI, têm incentivado o uso de bioenergia como estratégia para mitigar impactos ambientais (Walter et al., 2016). Esse cenário contribuiu significativamente para a economia nacional e a geração de empregos (Oliveira et al., 2020).

Contudo, fatores bióticos, como pragas e doenças, desempenham um papel significativo na redução da produtividade da cana. Entre esses fatores, as doenças destacam-se como uma das principais causas para a substituição de cultivares de cana-de-açúcar. Atualmente, já foram identificadas mais de 200 doenças que afetam a cultura, sendo elas causadas por diversos agentes, incluindo vírus, fungos, bactérias, fitoplasmas e nematóides (Gonçalves et al., 2012).

Entre as doenças, destaca-se a Pokkah Boeng, responsável por causar perdas significativas de produtividade em cultivares suscetíveis em diversas regiões do mundo (Yao et al., 2020). Essa doença é causada por espécies do Complexo de Espécies *Fusarium fujikuroi* (FFSC – *Fusarium fujikuroi* species complex) e caracteriza-se pela deformação da parte aérea e podridão do colmo (Costa et al., 2019). As espécies *F. proliferatum*, *F. sacchari*, *F. subglutinans* e *F. verticillioides* já foram descritas como agentes causadores da Pokkah Boeng (Carvalho et al., 2023). Já foram relatados casos de *F. sacchari* apresentando simultaneamente podridão do colmo e Pokkah Boeng. Além disso, espécies de *Fusarium* têm sido associadas a outras doenças importantes, como a Murcha (Viswanathan et al., 2011) e a Podridão Vermelha (Dela Cueva et al., 2019).

As regiões Sudeste e Centro-Oeste concentram os principais cultivos de cana-de-açúcar no Brasil. No entanto, ainda há uma lacuna significativa de informações sobre a diversidade genética de isolados de *Fusarium* spp. coletados em canaviais dessas regiões. Destaca-se o estado de Goiás como a segunda maior região produtora do setor canavieiro no país, com uma produtividade estimada em 79,765 milhões de toneladas, ficando atrás apenas de São Paulo, cuja estimativa é de 348,167 milhões de

toneladas, conforme dados da Safra 2024/2025 (CONAB, 2024). A caracterização molecular de isolados de *Fusarium* spp. é essencial para direcionar a escolha de isolados utilizados em estudos de patogenicidade, contribuindo para o melhoramento genético da cana-de-açúcar e o desenvolvimento de cultivares resistentes. Ressalta-se que uma alta diversidade genética entre os isolados pode favorecer o surgimento de novas linhagens, o que pode impactar diretamente o manejo e o controle de doenças (Milgroom, 2015; Costa et al., 2019).

Dada a importância dos fungos do gênero *Fusarium* na cultura da cana-de-açúcar, o presente trabalho teve como objetivo a caracterização taxonômica de isolados pertencentes às coleções do Laboratório de Pesquisa e Desenvolvimento em Fitopatologia do Centro Avançado de Pesquisa e Desenvolvimento de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e do Laboratório de Fitopatologia do Departamento de Fitossanidade da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP). Para isso, foram avaliados 56 isolados quanto à morfologia das colônias, bem como por meio do sequenciamento parcial dos genes *TEF-1 α* e *RPB2*. Além disso, foram realizadas análises da estrutura genética com o uso de marcadores moleculares do tipo AFLP, incluindo a seleção das combinações seletivas de primers mais promissoras na detecção de polimorfismos entre espécies.

6. CONCLUSÕES

Existe uma ampla diversidade de espécies de *Fusarium* spp. associadas ao hospedeiro cana-de-açúcar na região Sudeste do Brasil. As espécies *F. napiforme*, *F. caapi*, *F. hainanense* e *F. caatingaense* ainda não haviam sido relatadas na cultura da cana-de-açúcar no país, até o presente momento.

Em termos de estratégia de coleta para o enriquecimento das coleções de isolados fúngicos avaliadas, destaca-se a necessidade de concentrar esforços para

ampliar a representatividade de espécies de *Fusarium* provenientes da região de Goiás, abrangendo um maior número de municípios.

Os complexos de espécies *Fusarium fujikuroi* (FFSC) e *Incarnatum-equiseti* (FIESC), embora genética e filogeneticamente distintos, compartilham polimorfismos em suas regiões genômicas, evidenciados por meio da técnica de AFLP.

A técnica de AFLP é eficaz em revelar perfis genéticos com potencial discriminatório entre espécies de *Fusarium*, bem como de marcadores espécie-específicos.

Entre as variáveis utilizadas na caracterização cultural, o Índice de Velocidade de Crescimento Micelial (IVCM) demonstrou potencial para ser utilizado na diferenciação de isolados, especialmente entre as espécies *F. sacchari* e *F. madaense*.

7. REFERÊNCIAS

Abd Rahim HS, Mohd MH (2021) First report of *Fusarium sacchari* causing leaf blotch of orchid (*Dendrobium antennatum*) in Malaysia. **Crop Protection** 143:105559.

Afolabi OO et al. (2023) *Fusarium* and *Sarocladium* species associated with rice sheath rot disease in sub-Saharan Africa. **Diversity** 15:1090.

Alonso Pippo W, Luengo CA, Alonsoamador Morales Alberteris L, Garzone P, Cornacchia G (2011) Energy recovery from sugarcane-trash in the light of 2nd generation biofuel. Part 2: socio-economic aspects and techno-economic analysis. **Waste and Biomass Valorization** 2:257-266.

Avila CF et al. (2019) *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex associated with Brazilian rice: Phylogeny, morphology and toxigenic potential. **International Journal of Food Microbiology** 306:108267.

Bagyalakshmi K, Viswanathan R (2021) Development of a scoring system for sugarcane mosaic disease and genotyping of sugarcane germplasm for mosaic viruses. **Sugar Tech** 23:1105-1117.

Bao Y, Pan K, Khan MT, Chen B, Zhang M (2021) High-Quality Genome Sequence Resource for *Fusarium andiyazi* Causing Pokkah Boeng Disease of Sugarcane in China. **Molecular Plant-Microbe Interactions** 34:973-976.

Barnett, HL, Hunter, BB (1998). *Illustrated Genera of Imperfect Fungi*. 4. ed. St. Paul: APS Press. 218 p.

Basler R (2016) Diversity of *Fusarium* species isolated from UK forage maize and the population structure of *Fusarium graminearum* from maize and wheat. **PeerJ** 4:e2143.

Carvalho JA, Hagen F, Fisher MC, De Camargo ZP, Rodrigues AM (2020) Genome-wide mapping using new AFLP markers to explore intraspecific variation among pathogenic *Sporothrix* species. **PLoS Neglected Tropical Diseases** 14:e0008330.

Carvalho MRV, Rocha KCA, Melo MP, Britto FB, Barguil BM, Alcântara Neto F, Borges AF, Silva JP, Beserra Jr JEA (2022) Identification and genetic diversity of *Fusarium sacchari* associated with pokkah boeng disease of sugarcane in Northeast Brazil. **Journal of Phytopathology** 171:36-47.

Chala A, Degefu T, Brurberg MB (2019) Phylogenetically diverse *Fusarium* species associated with sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) and finger millet (*Eleusine coracana* L. Garten) grains from Ethiopia. **Diversity** 11:93.

Choi JH, Lee S, Nah JY, Kim HK, Paek JS, Lee S, Ham H, Hong SK, Yun S, Lee T (2018) Species composition of and fumonisin production by the *Fusarium fujikuroi* species complex isolated from Korean cereals. **International Journal of Food Microbiology** 267:62-69.

CONAB (2024) - Companhia Nacional de Abastecimento. **Cana de açúcar, Safra 2024/2025. Terceiro levantamento, Novembro de 2024**. Brasília.

Costa MM, Melo MP, Guimarães EA, Veiga CMO, Carmo Sandin F, Moreira GM, Costa SS, Pfenning LH (2019) Identification and pathogenicity of *Fusarium* species associated with pokkah boeng of sugarcane in Brazil. **Plant Pathology** 68:1350-1360.

Costa MM, Silva BAAS, Moreira GM, Pfenning LH (2021a) *Colletotrichum falcatum* and *Fusarium* species induce symptoms of red rot in sugarcane in Brazil. **Plant Pathology** 70:1807-1818.

Costa MM, Melo MP, Carmo FS, Moreira GM, Guimarães EA, Rocha FS, Guimarães SSC, Abreu LM, Pfenning LH (2021b) *Fusarium* species from tropical grasses in Brazil and description of two new taxa. **Mycological Progress** 20:61-72.

Costa MM, Saleh AA, Melo MP, Guimarães EA, Esole JP, Zeller KA, Summerell BA, Pfenning LH, Leslie JF (2022) *Fusarium mirum* sp. nov, intertwining *Fusarium madaense* and *Fusarium andiyazi*, pathogens of tropical grasses. **Fungal Biology** 126:250-266.

Crous PW et al. (2021) *Fusarium*: more than a node or a foot cell. **Studies in Mycology** 98:100116.

Dela Cueva F, Torres R, Castro A, Mendoza J, Balendres MA (2019) Susceptibility of sugarcane to red rot caused by two *Fusarium* species and its impact on stalk sugar level. **Journal of Plant Pathology** 101:639-646.

Dhansu P, Kulshreshtha N, Kumar R, Raja AK, Pandey SK, Goel V, Ram B (2021) Identification of drought-tolerant co-caness based on physiological traits, yield attributes and drought tolerance indices. **Sugar Tech** 23:747-761.

Dias MOS, Maciel Filho R, Mantelatto PE, Cavalett O, Rossell CEV, Bonomi A, Leal MRLV (2015) Sugarcane processing for ethanol and sugar in Brazil. **Environmental Development** 15:35-51.

Dinesh Babu KS, Janakiraman V, Palaniswamy H, Kasirajan L, Gomathi R, Ramkumar TR (2022) A short review on sugarcane: its domestication, molecular manipulations and future perspectives. **Genetic Resources and Crop Evolution** 69:2623-2643.

Divakara ST, Santosh P, Aiyaz M, Venkata Ramana M, Hariprasad P, Nayaka SC, Niranjana SR (2014) Molecular identification and characterization of *Fusarium* spp. associated with sorghum seeds. **Journal of the Science of Food and Agriculture** 94:1132-1139.

Duarte ML, Archer SA (2003) *In vitro* toxin production by *Fusarium solani* f. sp. *piperis*. **Fitopatologia Brasileira** 28:229-235.

Earl DA, Von Holdt BM (2012) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources** 4:359-361.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology** 14:2611-2620.

FAO (2022) Food and Agriculture Organization of the United Nations. **FAOSTAT statistical database**. Rome.

Franco FP, Moura DS, Vivanco JM, Silva-Filho MC (2017) Plant–insect–pathogen interactions: a naturally complex *ménage à trois*. **Current Opinion in Microbiology** 37:54-60.

Gallan DZ, Penteriche AB, Henrique MO, Silva-Filho MC (2022) Sugarcane multitrophic interactions: Integrating belowground and aboveground organisms. **Genetics and Molecular Biology** 46:e20220163.

Gallan DZ, Henrique MO, Silva-Filho MC (2023) The phytopathogen *Fusarium verticillioides* modifies the intestinal morphology of the sugarcane borer. **Pathogens** 12:443.

Garcia AA, Benchimol LL, Barbosa AM, Geraldil IO, Souza Jr. CL, Souza AP (2004) Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and SSR markers for diversity studies in tropical maize inbred lines. **Genetics and Molecular Biology** 27:579-588.

Garsmeur O et al. (2018) A mosaic monoploid reference sequence for the highly complex genome of sugarcane. **Nature Communications** 9:2638.

Goldschmied RA, Friedman AJ, Block CS (1993) *Fusarium* spp. isolated from non-ocular sites: a 10-year experience at an Israeli general hospital. **Journal of Mycologie Medicale** 3:99-102.

Gonçalves MC, Pinto LR, Souza SC, Landell MGA (2012) Virus diseases of sugarcane. A constant challenge to sugarcane breeding in Brazil. **Functional Plant Science and Biotechnology** 6:108-116.

Guo Z, Yu Z, Li Q, Tang L, Guo T, Huang S, Mo J, Hsiang T, Luo S (2021) *Fusarium* species associated with leaf spots of mango in China. **Microbial Pathogenesis** 150:104736.

Herron DA, Wingfield MJ, Wingfield BD, Rodas CA, Marincowitz S, Steenkamp ET (2015) Novel taxa in the *Fusarium fujikuroi* species complex from *Pinus* spp. **Studies in Mycology** 80:131-150.

Hofsetz K, Silva MA (2012) Brazilian sugarcane bagasse: Energy and non-energy consumption. **Biomass and Bioenergy** 46:564-573.

Infantino A, Grottoli A, Bergamaschi V, Oufensou S, Burgess LW, Balmas V (2023) FusaHelp: a web site program for the morphological identification of *Fusarium* species. **Journal of Plant Pathology** 1-8.

Jabłońska E, Piątek K, Wit M, Mirzwa-Mróz E, Wakuliński W (2020) Molecular diversity of the *Fusarium fujikuroi* species complex from maize. **European Journal of Plant Pathology** 158:859-877.

Jambhulkar PP, Bajpai R, Reddy HJ, Tripathy PS, Varun P, Rout AK et al. (2024) Assessment of genetic diversity and the population structure of species from the *Fusarium fujikuroi* species complex causing *Fusarium* stalk rot of maize. **Journal of Fungi** 10:574.

James JE, Santhanam J, Zakaria L, Mamat Rusli N, Abu Bakar M, Suetrong S, Sakayaroj J, Razak MFA, Lamping E, Cannon RD (2022) Morphology, phenotype, and molecular identification of clinical and environmental *Fusarium solani* species complex isolates from Malaysia. **Journal of Fungi** 8:845.

Karlsson I, Edel-Hermann V, Gautheron N, Durling MB, Kolseth A, Steinberg C, Persson P, Friberg H (2016) Genus-specific primers for study of *Fusarium* communities in field samples. **Applied and Environmental Microbiology** 82:491-501.

Kornerup A, Wanscher JH (1978). *Methuen Handbook of Color*. 3. ed. London: Methuen and Co.

Kumar S, Stecher G, Suleski M, Sanderford M, Sharma S, Tamura K (2024) MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis Version 12 for Adaptive and Green Computing. **Molecular Biology and Evolution** 41:msae263.

Lebot V (1999) Biomolecular evidence for plant domestication in Sahul. **Genetic Resources and Crop Evolution** 46:619-628.

Leslie JF, Summerell, BA (2006) *The Fusarium Laboratory Manual*. [S.I]: Blackwell Publishing. 416 p.

Li WF, Wang XY, Shan HL, Zhang RY, Li YH, Lu WJ, Huang YK (2022) Occurrence and damage of epidemic fungal diseases in middle and late stages of sugarcane growth in Yunnan Province of China. **European Journal of Plant Pathology** 164:353-364.

Lima IJ, Carneiro Leão MP, Da Silva Santos AC, Da Costa AF, Tiago PV (2020) Production of conidia by entomopathogenic isolates of *Fusarium caatingaense* on different vegetable substrates. **Biocontrol Science and Technology** 31:206-218.

Liu YJ, Whelen S, Hall BD (1999) Phylogenetic relationships among *Ascomycetes*: evidence from an RNA polymerase II subunit. **Molecular Biology and Evolution** 16:1799-1808.

Ma G, Wang H, Qi K, Ma L, Zhang B, Zhang Y, Jiang H, Wu X, Qi J (2024) Isolation, characterization, and pathogenicity of *Fusarium* species causing crown rot of wheat. **Frontiers in Microbiology** 15:1405115.

Maciel MHC, Amaral ACT, Silva TD, Bezerra JDP, Souza-Motta CM, Costa AF, Tiago PV, Oliveira NT (2021) Evaluation of mycotoxin production and phytopathogenicity of the entomopathogenic fungi *Fusarium caatingaense* and *F. pernambucanum* from Brazil. **Current Microbiology** 78:1218-1226.

Machado PG, Picoli MCA, Torres LJ, Oliveira JG, Walter A (2015) The use of socioeconomic indicators to assess the impacts of sugarcane production in Brazil. **Renewable and Sustainable Energy Reviews** 52:1519-1526.

Majer D, Lewis BG, Mithen R (1998) Genetic variation among field isolates of *Pyrenopeziza brassicae*. **Plant Pathology** 47:22-28.

Martin JP, Hong HL, Wismar CA (1961) *Pokkah boeng*. In: **Sugar-cane diseases of the world**. Vol. 1. New York: Elsevier Publ. Co., p. 247-257.

Marwal A, Gaur RK (2020) Molecular markers: tool for genetic analysis. In: Verma AS, Singh A (Eds.) **Animal Biotechnology (Second Edition)**. Boston: Academic Press, p. 353-372.

Melo MP de (2014) **Espécies biológicas e filogenéticas do complexo *Fusarium fujikuroi***. 180 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

Milgroom MG (2015) *Population Biology of Plant Pathogens: Genetics, Ecology, and Evolution*. St. Paul, MN, USA: APS Press, 302 p.

Mohammed AM, Al-Ani LKT (2021) Identification and production of beauvericin by *Fusarium subglutinans* and *F. sacchari* from sugarcane. **Brazilian Archives of Biology and Technology** 64:e21200088.

Monteiro RC et al. (2025) Novel amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers for typing medically relevant *Fusarium* and allied fusarioid genera. **Fungal Systematics and Evolution** 15:79-96.

Nayak SN et al. (2014) Promoting utilization of *Saccharum* spp. genetic resources through genetic diversity analysis and core collection construction. **PLoS One** 9:e110856.

Nei M (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 70:3321-3323.

Nunes LJR, Loureiro LMEF, Sá LCR, Silva HFC (2020) Sugarcane industry waste recovery: a case study using thermochemical conversion technologies to increase sustainability. **Applied Sciences** 10:6481.

O'Donnell K, Cigelnik E, Nirenberg HI (1998a) Molecular systematics and phylogeography of the *Gibberella fujikuroi* species complex. **Mycologia** 90:465-493.

O'Donnell K, Kistler HC, Cigelnik E, Ploetz RC (1998b) Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 95:2044-2049.

O'Donnell K et al. (2010) Internet-accessible DNA sequence database for identifying *Fusaria* from human and animal infections. **Journal of Clinical Microbiology** 48:3708-3718.

O'Donnell K, Rooney AP, Proctor RH, Brown DW, McCormick SP, Ward TJ et al. (2013) Phylogenetic analyses of RPB1 and RPB2 support a middle Cretaceous origin for a clade comprising all agriculturally and medically important *Fusaria*. **Fungal Genetics and Biology** 52:20-31.

O'Donnell K, McCormick SP, Busman M, Proctor RH, Ward TJ, Doebering G, Geiser DM, Alberts JF, Rheeder JP (2018) Marasas et al. 1984 "Toxigenic *Fusarium* species: identity and mycotoxicology" revisited. **Mycologia** 110:1058-1080.

O'Donnell K et al. (2022) DNA sequence-based identification of *Fusarium*: a work in progress. *Plant Disease* 106:1597-1609.

Oliveira JA (1991) **Efeito do tratamento fungicida em sementes no controle de tombamento de plântulas de pepino (*Cucumis sativus* L.) e pimentão (*Capsicum annuum* L.)**. 120 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

Oliveira IA, Medeiros LSA, Gonçalves MC, Pereira HJ, Alcantara Neto F, Matos KS, Beserra Jr JEA (2020) A survey of causal agents associated with sugarcane yellowing in Northeast Brazil. **Crop Protection** 138:105326.

Omar NH, Mohd M, Nor NMI, Zakaria L (2018) Characterization and pathogenicity of *Fusarium* species associated with leaf spot of mango (*Mangifera indica* L.). **Microbial Pathogenesis** 114:362-368.

Parra MÄ, Gomez J, Aguilar FW, Martinez JA (2022) *Fusarium annulatum* causes *Fusarium* rot of cantaloupe melons in Spain. **Phytopathologia Mediterranea** 61:269-277.

Paterson AH, Bowers JE, Chapman B (2004) Ancient polyploidization predating divergence of the cereals, and its consequences for comparative genomics. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 101:9903-9908.

Pereira FD (2016) **Caracterização morfocultural e molecular de isolados de *Colletotrichum* spp. provenientes de diferentes frutas tropicais**. 200 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Unesp, Jaboticabal.

Perrier X, Jacquemoud-Collet JP (2006) DARwin software. Available at: <http://darwin.cirad.fr/>.

Peterbauer T, Richter A (1998) Galactosylononitol and stachyose synthesis in seeds of adzuki bean. Purification and characterization of stachyose synthase. **Plant Physiology** 117:165-172.

Pinaria AG, Liew ECY, Burgess LW (2010) *Fusarium* species associated with vanilla stem rot in Indonesia. **Australasian Plant Pathology** 39:176-183.

Pramunadipta S, Widiastuti A, Wibowo A, Suga H, Priyatmojo A (2022) Identification and pathogenicity of *Fusarium* spp. associated with the sheath rot disease of rice (*Oryza sativa*) in Indonesia. **Journal of Plant Pathology** 104:251-267.

Prevost A, Wilkinson MJ (1999) A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. **Theoretical and Applied Genetics** 98:107-112.

Pritchard JK, Falush D, Stephens M (2002) Inference of population structure in recently admixed populations. In: 52nd Annual Meeting of the American Society of Human Genetics, **Abstracts**... p. 67.

PYTHON SOFTWARE FOUNDATION (2021) *Python Language Reference, version 3.10*. Disponível em: <https://www.python.org/>.

Qiu R, Li C, Li X, Zhang Y, Liu C, Li C et al. (2023) First report of *Fusarium sacchari* causing root rot of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) in China. **Crop Protection** 174:106437.

Rambaut A (2017) *FigTree v1.4.4*. GitHub. Disponível em: <https://github.com/rambaut/figtree>.

Rampersad SN (2021) Spatial pattern of genetic diversity in field populations of *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex. **Ecology and Evolution** 11:9010-9020.

Roldan-Ruiz I, Dendauw JE, Van Bockstaele E, Depicker A, Loose M (2000) AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). **Molecular Breeding** 6:125-126.

Ronquist F, Huelsenbeck JP (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics** 19:1572-1574.

Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP (2012) MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. **Systematic Biology** 61:539-542.

Rosenberg NA, Mahajan S, Ramachandran S, Zhao C, Pritchard JK, Feldman MW (2005) Clines, clusters, and the effect of study design on the inference of human population structure. **PLoS Genetics** 1:660-671.

Rott PC, Girard J, Comstock JC (2013) Impact of pathogen genetics on breeding for resistance to sugarcane diseases. **International Society of Sugar Cane Technologists** 28:1-11.

Sandoval-Denis M, Swart WJ, Crous PW (2018) New *Fusarium* species from the Kruger National Park, South Africa. **MycKeys** 34:63-92.

Santos ACS, Trindade JVC, Lima CS, Barbosa RN, Costa AF, Tiago PV, Oliveira NT (2019) Morphology, phylogeny, and sexual stage of *Fusarium caatingaense* and *Fusarium pernambucanum*, new species of the *Fusarium incarnatum-equiseti* species complex associated with insects in Brazil. **Mycologia** 111:244-259.

Saviola B (2014) Pigments and pathogenesis. **Journal of Mycobacterial Diseases** 4:1-3.

Silva AS, Oliveira EJ, Haddad F, Jesus ON, Oliveira SAS, Costa MAPC (2013) Molecular fingerprinting of *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* isolates using AFLP markers. **Scientia Agricola** 70:88-94.

Solomon S (2016) Sugarcane production and development of sugar industry in India. **Sugar Tech** 18:588-602.

Song J, Yang X, Resende Jr MF, Neves LG, Todd J, Zhang J, Comstock JC, Wang J (2016) Natural allelic variations in highly polyploid *Saccharum* complex. **Frontiers in Plant Science** 7:804.

Spera S, VanWey L, Mustard J (2017) The drivers of sugarcane expansion in Goiás, Brazil. **Land Use Policy** 66:111-119.

Srimali PUNE, Manamgoda DS, Basnayake BMVS, Thushari ANWS, Salim N (2022) Molecular characterization and pathogenicity of *Fusarium* species associated with pokkah boeng: an emerging disease of sugarcane in Sri Lanka. **Sugar Tech** 24:1357-1367.

Sung GH, Sung JM, Hywel-Jones NL, Spatafora JW (2007) A multi-gene phylogeny of *Clavicipitaceae* (Ascomycota, Fungi): identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. **Molecular Phylogenetics and Evolution** 44:1204-1223.

Swadling L et al. (2020) Human liver memory CD8+ T cells use autophagy for tissue residence. **Cell Reports** 30:687-698.

Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties, and weight matrix choice. **Nucleic Acids Research** 22:4673-4680.

Tiago PV, Medeiros LV, Carneiro Leão MP, Santos ACS, Costa AF, Oliveira NT (2016) Polymorphisms in entomopathogenic fusaria based on inter simple sequence repeats. **Biocontrol Science and Technology** 26:1401-1410.

Varshney RK, Chabane K, Hendre PS, Aggarwal RK, Graner A (2007) Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. **Plant Science** 173:638-649.

Viswanathan R, Poongothai M, Malathi P (2011) Pathogenic and molecular confirmation of *Fusarium sacchari* causing wilt in sugarcane. **Sugar Tech** 13:68-76.

Viswanathan R, Rao GP (2011) Disease scenario and management of major sugarcane diseases in India. **Sugar Tech** 13:336-353.

Vishwakarma SK, Kumar P, Nigam A, Singh A, Kumar A (2013) Pokkah boeng: an emerging disease of sugarcane. **Journal of Plant Pathology & Microbiology** 4:170.

Viswanathan R, Balaji CG, Selvakumar R, Malathi P, Ramesh Sundar A, Prasanth CN, Chhabra ML, Parameswari B (2017) Epidemiology of *Fusarium* diseases in sugarcane: a new discovery of same *Fusarium sacchari* causing two distinct diseases, wilt and pokkah boeng. **Sugar Tech** 19:638-646.

Vos P et al. (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research** 21:4407-4414.

Walter A, Galdos MV, Scarpore FV, Verde Leal MRL, Abel Seabra JE, Cunha MP, Picoli MCA, Oliveira COF (2016) Brazilian sugarcane ethanol: developments so far and challenges for the future. **Advances in Bioenergy: The Sustainability Challenge** 373-394.

Wang M, Li AM, Liao F, Qin CX, Chen ZL, Zhou L, Li YR, Li XF, Lakshmanan P, Huang DL (2022) Control of sucrose accumulation in sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) involves miRNA-mediated regulation of genes and transcription factors associated with sugar metabolism. **GCB Bioenergy** 14:173-191.

Xu X et al. (2022) *Fusarium* species associated with maize leaf blight in Heilongjiang Province, China. **Journal of Fungi** 8:1170.

Yao Z, Zou C, Peng N, Zhu Y, Bao Y, Zhou Q, Wu Q, Chen B, Zhang M (2020) Virome identification and characterization of *Fusarium sacchari* and *F. andiyazi*: causative agents of pokkah boeng disease in sugarcane. **Frontiers in Microbiology** 11:240.

Yilmaz N, Sandoval-Denis M, Lombard L, Visagie CM, Wingfield BD, Crous PW (2021) Redefining species limits in the *Fusarium fujikuroi* species complex. **Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi** 46:129-162.

Yli-Mattila T, Mach RL, Alekhina IA, Bulat SA, Koskinen S, Kullnig-Gradinger CM, Kubicek CP, Klemsdal SS (2004) Phylogenetic relationship of *Fusarium langsethiae* to *Fusarium poae* and *Fusarium sporotrichioides* as inferred by IGS, ITS, β -tubulin sequences and UP-PCR hybridization analysis. **International Journal of Food Microbiology** 95:267-285.

Zarrin M, Ganj F, Faramarzi S (2016) Development of a polymerase chain reaction–restriction fragment length polymorphism method for identification of the *Fusarium* genus using the transcription elongation factor-1 α gene. **Biomedical Reports** 5:705-708.

Zhou X, O'Donnell K, Aoki T, Smith JA, Kasson MT, Cao ZM (2016) Two novel *Fusarium* species that cause canker disease of prickly ash (*Zanthoxylum bungeanum*) in northern China form a novel clade with *Fusarium torreyae*. **Mycologia** 108:668-681.