

GENIVALDO ALVES DA SILVA

**SISTEMÁTICA DE *Fomitiporia* MURRIL
(HYMENOGYSAETACEAE, BASIDIOMYCOTA):
CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS AO
CONHECIMENTO DE ESPÉCIES PILEADAS
OCORRENTES NO BRASIL**

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

Orientador: Prof. Dr. Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos

Coorientador: Dr. Mateus Arduvino Reck

FLORIANÓPOLIS

2016

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Alves-Silva, Genivaldo

Sistemática de Fomitiporia Murril (Hymenochaetales, Basidiomycota): contribuições taxonômicas ao conhecimento de espécies pileadas ocorrentes no Brasil / Genivaldo Alves Silva ; orientador, Elisandro Ricardo Drechsler-Santos ; coorientador, Mateus Arduvino Reck. - Florianópolis, SC, 2016.

156 p.

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

Inclui referências

1. Biologia de Fungos, Algas e Plantas. 2. Hymenochaetales. 3. Fungos Neotropicais. 4. Análises filogenéticas moleculares. 5. Phellinus sensu lato. I. Drechsler-Santos, Elisandro Ricardo. II. Reck, Mateus Arduvino. III. Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas. IV. Título.

GENIVALDO ALVES DA SILVA

**SISTEMÁTICA DE *Fomitiporia* MURRIL
(HYMENOGYSAETACEAE, BASIDIOMYCOTA):
CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS AO
CONHECIMENTO DE ESPÉCIES PILEADAS
OCORRENTES NO BRASIL**

Esta Dissertação foi julgada adequada para obtenção do Título de “Mestre”, e aprovada em sua forma final pelo Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas.

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos
Presidente/UFSC.

Prof. Dr. Gilberto Coelho
UFSM

Prof. Dr. Carlos Frederico Deluqui Gurgel
CCB/UFSC.

Prof^a. Dra. Maria Alice Neves
CCB/UFSC.

Prof^a. Dra. Mayara Krasinski Caddah
CCB/UFSC.

Florianópolis, 01 de Abril de 2016.

*Ao meu querido e amado pai,
em memória.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Quero agradecer ao meu Pai e minha Mãe pelo apoio incondicional; à minha Mãe que foi muito forte nos momentos mais difíceis, ao qual tive que me ausentar.

À minha amada Esposa, primeiro pela força e confiança no momento de decidir vir para Florianópolis e durante o tempo que ficamos longe; hoje pelo apoio imensurável e amor incondicional em todos os momentos.

Ao Professor Dr. Elisandro Ricardo, responsável por me resgatar no interior do Mato Grosso e me ensinar o caminho para a micologia, obrigado pela amizade.

Ao meu coorientador Dr. Mateus Reck, pela amizade, ensinamentos e discussões das análises moleculares e taxonômicas, que foram fundamentais para o desenvolvimento do trabalho.

À CAPES (Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela bolsa concedida.

Ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos Algas e Plantas (PPGFAP) pela estrutura fornecida e aos seus professores pelo conhecimento compartilhado.

Ao Dr. Aristóteles Góes Neto, que por meio do projeto —Identificação Molecular de Fungos do Brasil— forneceu subsídios indispensáveis para a execução das análises moleculares deste trabalho.

À família MICOLAB, Dra. Maria A. Neves, MSc Fernando M. Freire, MSc Raquel Friedrich, MSc Valéria F. Lopes, MSc Altielys C. Magnago, MSc Gesieli K. Figueiró, MSc Ariadne Furtado, MSc Celeste Heisecke, Melissa Palacios, MSc Jaime Duque, Cauê Oliveira, MSc Caio A. Leal Dutra, Fernanda T. Fóes Linhares, João F. Souza, Julia Simon,

Joane Prata, Pâmela V. Nunes, Mariana Fernandes, Felipe Ruppenthal, Mary Luz, Mari Drevinski pela amizade e apoio durante o período do desenvolvimento do trabalho.

Especialmente ao MSc Diogo Henrique C. R., MSc Carlos S. Montoya, Samuel G. Elias e Felipe Bittencourt, e extra-micolab Luciana P. Silva pelo apoio, pelas conversas mais longas, quanto por coletas e discussões taxonômicas.

Aos colegas de mestrado nas disciplinas 2014-1, Luis, Roberta, MSc Rafaela, MSc Giulia e Jony.

Aos professores Dr. Rafael Trevisan, Dr. Pedro Fiaschi, Dra. Mayara K. Caddah, Dr. Daniel Falkenberg pelo apoio, discussões e auxílio sempre quando precisei.

Aos curadores dos herbários FLOR da Universidade Federal de Santa Catarina, SP do Instituto de Botânica, HUEFS da Universidade Estadual Feira de Santana, NY de New York Botanical Garden, FURB da Universidade Regional de Blumenau, BPI da U.S. National Fungus Collections pela confiança e envio dos diversos materiais emprestados para a realização do trabalho.

À Silvia Venturi por me ajudar o quanto pôde.

A todos que ajudaram direta ou indiretamente na execução deste trabalho. Muito obrigado.

*A verdadeira viagem de descobrimento
não consiste em procurar novas
paisagens, mas em ter novos olhos.
(Marcel Proust).*

RESUMO

Fomitiporia é um gênero de Hymenochaetaceae caracterizado por apresentar espécies com basidiomas perenes, pileados a ressupinados, basidiósporos hialinos e dextrinoides, sistema hifal dimítico e presença de setas himeniais em algumas espécies. Em *Fomitiporia*, conceitos morfológicos de espécie relativamente amplos foram empregados tradicionalmente, fazendo com que vários táxons fossem sinonimizados, o que, combinado com uma baixa variação morfológica entre algumas espécies, levou ao que hoje conhecemos por complexos taxonômicos. Porém, muitas hipóteses de sinonímia estão aos poucos sendo reavaliadas, através de estudos morfológicos detalhados e moleculares levados a cabo recentemente. Por consequência, uma desconhecida diversidade representada por diferentes linhagens, e em alguns casos com relações de especificidade com hospedeiros em particular, vem sendo revelada. No Brasil, *F. robusta* e, principalmente, *F. apiahyna*, são dois nomes frequentemente empregados para espécimes pileados. *Fomitiporia robusta* s.s. tem ocorrência restrita à Europa. Já *F. apiahyna*, descrita a partir de um espécime coletado em Apiaí-SP, apresenta uma distribuição geográfica ampla, com ocorrências registradas do sul da Flórida ao norte da Argentina, sendo considerada como um complexo de espécies crípticas. Ainda, há espécies pileadas de *Fomitiporia* ocorrentes em áreas pouco exploradas, que devem ser estudadas e possivelmente nomeadas, já que sua morfologia não está relacionada com a dos complexos citados. Com o intuito de reconhecer a diversidade de espécies pileadas de *Fomitiporia* que ocorrem em áreas ainda pouco exploradas no Brasil, foram realizadas coletas no Cerrado, Mata Atlântica e

Amazônia, além de revisão de coleções de herbário, totalizando 79 espécimes estudados. Análises morfológicas detalhadas e filogenéticas (moleculares: nrITS, nrLSU, *tef1- α* e *rpb2*) foram realizadas a partir dos espécimes estudados. A topologia previamente apresentada, acerca de *F. apiahyna s.l.*, foi da mesma forma apresentada em nossas análises filogenéticas moleculares. Além destas, no clado *F. apiahyna s.l.*, outras três linhagens de coletas realizadas na Mata Atlântica foram apresentadas. Uma delas, *Fomitiporia* sp. 2 é descrita como nova (*F. drimydoiphila* ad int.) a partir de espécimes coletados parasitando *Drimys angustifolia* em Matas Nebulares na Serra Geral. Ainda, na linhagem Neotropical do gênero, outras seis linhagens foram encontradas. Duas delas, *Fomitiporia* sp. 4 e sp. 5, com morfologia particular não correspondendo a nenhum complexo taxonômico, são descritas como novas (*F. subtilissima* e *F. atlantica*), a partir de espécimes pileados, encontrados em um fragmento urbano de Mata Atlântica. As outras espécies são representadas por espécimes pileados coletados na Mata Atlântica (sp. 6 e sp. 7), no Cerrado (sp. 9) e Amazônia (sp. 10). *Fomitiporia* sp. 9 e sp. 10 ficaram posicionadas em um clado junto de espécies ressupinadas do gênero. *Fomitiporia* sp. 7 e sp. 9, mesmo apresentando morfologia correspondente ao complexo morfológico *F. apiahyna*, não são relacionadas ao clado *F. apiahyna s.l.* Ainda, *Fomitiporia* sp. 7 apresenta macromorfologia detalhada que corresponde ao tipo de *Phellinus elegans*, sinônimo de *F. apiahyna*. Por fim, as análises filogenéticas apresentam uma diversidade antes não conhecida, sendo até mesmo, encontradas coexistindo (*F. apiahyna sensu* Amalfi & Decock, *F. atlantica*, *F. subtilissima* e *Fomitiporia* sp. 7) em fragmentos de mata até então não explorados. Essas linhagens

distintas merecem ser estudadas e reconhecidas, quanto à sua delimitação e relações filogenéticas.

Palavras-chave: Hymenochaetales, fungos poliporoides, análises filogenéticas moleculares, diversidade, Mata Atlântica, Amazônia, Cerrado.

ABSTRACT

Fomitiporia is a poroid Hymenochaetaceae genus that includes species with perennial, pileate to resupinate basidiomata, hyaline and dextrinoid basidiospores, dimitic hyphal system, and hymenial setae present in some species. The slightly morphological variations between *Fomitiporia* species, the wide morphological concepts used in the classification, and the vast geographical distribution, resulted in many species complex within the genus. In previous taxonomic studies using accurate morphological and molecular data the synonymy hypothesis of some *Fomitiporia* species complex are gradually being re-evaluated. Therefore, an unknown high diversity has been revealed, represented by distinct lineages, occasionally with particular host specificity relationships. In Brazil, *F. robusta* and *F. apiahyna* are two names frequently applied to pileate *Fomitiporia* specimens. However, *F. robusta sensu stricto* is exclusively from Europe. On the other hand, *F. apiahyna* was described from Apiaí-SP specimen. Currently, *F. apiahyna* has wide-ranging geographic distribution, from southern Florida to northeastern Argentina, comprising a cryptic species complex. In order to recognize pileate *Fomitiporia* species diversity occurring in Brazil we performed morphological, molecular phylogenetic (nrITS, nrLSU, *tefl-α* e *rpb2*) and ecological studies. In total, we analyzed 79 specimens from collects from Mato Grosso Cerrado, Santa Catarina and São Paulo Atlantic forest and Mato Grosso and Amazonas Amazonia, besides of herbaria specimens. Previous lineages from *F. apiahyna s.l.* were recovered in our analyses. In addition, three more lineages from Atlantic forest were

recovered too. One of them, *Fomitiporia* sp. 2, is described as new species (*F. drimyodophila* ad int.) from specimens growing on *Drimys angustifolia* trees from Cloud forest. Others six lineages were recovered in Neotropical clade. Two of them, *Fomitiporia* sp. 4 e *Fomitiporia* sp. 5 are described as new species (*F. subtilissima* e *F. atlantica*) from pileate specimens from Atlantic forest urban fragment; both, morphologically does not seem to be none taxonomic complex. The leftover are pileate specimens from Atlantic forest (sp. 6 e sp. 7), from Cerrado (sp. 9) and from Amazonia (sp. 10). *Fomitiporia* sp. 9 and sp. 10 form a clade within resupinate Neotropical lineage. *Fomitiporia* sp. 7 and sp. 9, even with morphology corresponding to the *F. apiahyna* morphological complex, they are not related to *F. apiahyna* s.l. clade. *Fomitiporia* sp. 7 has macro morphology that corresponds to *Phellinus elegans* type; a synonym of *F. apiahyna*. Finally, considering these results, it is clear that there is a high unknown diversity within pileate *Fomitiporia* specimens from Neotropics, which could be to reveal only with an integrative approach using molecular, morphological and ecological data.

Keywords: Hymenochaetales, polypores, phylogenetics analysis, diversity, Atlantic forest, Amazonia, Cerrado.

LISTA DE FIGURAS

RESULTADOS & DISCUSSÃO

- Fig. 1.** Filograma do gênero *Fomitiporia* obtido por Máxima Verossimilhança (*log likelihood* $-\ln$ 28158.65) a partir de sequências de nrITS, nrLSU, *tef1- α* e *rpb2* concatenadas.....48
- Fig. 2** Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia apiahyna sensu* Amalfi & Decock.....64
- Fig. 3** Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia* sp. 1.....65
- Fig. 4** Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia* sp. 3, *Fomitiporia* sp. 6, *Fomitiporia* sp. 9 e *Fomitiporia* sp. 10.....66
- Fig. 5** Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia* sp. 7, *Phellinus elegans* **holótipo**, *Fomitiporia apiahyna* **holótipo** e *Fomitiporia* sp. 7.....67
- Fig. 6** Cor e reações dos basidiósporos em KOH, reagente de Melzer (dextrinoidia) e reagente azul de algodão (cianofilia).....68

Fig. 7. Separação das hifas do contexto em NaOH 5% do Isótipo de *Fomitiporia apiahyna* (BPI 226926). Hifas esqueléticas com inchaços, principalmente próximo ao ápice.....68

CAPÍTULO I

Fig. 1. Phylogram of combined nrITS, nrLSU, *tefl-a* and *rpb2* sequences from relationships of genus *Fomitiporia*, inferred by Maximum Likelihood analysis (log likelihood $-\ln 28163.12$).....114

Fig. 2. *Fomitiporia drimydophila* ad int. Macroscopic features.....116

CAPÍTULO II

Fig. 1 Phylogram generated from Maximum Likelihood (RAxML) analysis based on combined nrLSU, nrITS, EF and RPB2 sequence data of *Fomitiporia*.....129

Fig. 2 *Fomitiporia subtilissima* e *Fomitiporia atlantica*.....131

LISTA DE TABELAS

RESULTADOS & DISCUSSÃO

Table I. Comparação morfológica dos espécimes.....69

Tabela II. Locais e datas de coletas.....73

Tabela III. Materiais tipo analisados.....75

Tabela IV Lista de espécimes revisados.....76

CAPÍTULO I

Table I List of species, collections, and sequences used in the phylogenetic analyses.....108

Table II Summary of nrITS, nrLSU, *tefl- α* and *rbp2* datasets.....113

APÊNDICE F

Tabela de componetes da PCR.....134

SUMÁRIO

1. APRESENTAÇÃO	31
2. INTRODUÇÃO	32
3. OBJETIVOS	38
4. MATERIAL E MÉTODOS	39
4.1 Procedimento para coletas e análises morfológicas	39
4.2 Análises Filogenéticas Moleculares.....	41
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
5.1 Comentários sobre as espécies pileadas recuperadas nas análises filogenéticas moleculares do gênero <i>Fomitiporia</i> (Fig. 1).....	50
APÊNDICE	62
CAPÍTULO I –Phylogenetic relationships in the <i>Fomitiporia apiahyana</i> complex (Hymenochaetales, Basidiomycota) based on morphology and a multi-gene molecular approach: <i>Fomitiporia drimytophila</i> ad int. sp. nov.....	78
CAPÍTULO II – Fungal diversity notes 253-366: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa.....	117
APÊNDICE.....	132
ANEXOS.....	139
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS E RECOMENDAÇÕES PARA TRABALHOS FUTUROS	153

1. APRESENTAÇÃO

Este trabalho consiste no estudo de espécies pileadas de *Fomitiporia* que ocorrem no Brasil. O mesmo está subdividido em Introdução (Fundamentação Teórica), Objetivos, Material & Métodos, Resultados & Discussão e Considerações Finais. No início dos Resultados & Discussão, é apresentada uma filogenia geral e discutido os táxons que não receberam um tratamento taxonômico. O restante dos resultados está subdividido em dois capítulos, onde:

Capítulo I – consiste na descrição de uma espécie nova, além da discussão de outras linhagens que compreendem *Fomitiporia apiahyna sensu lato*. Este capítulo está apresentado no formato de artigo a ser submetido.

Capítulo II – é apresentada a descrição de duas espécies novas, ambas a partir de espécimes pileadas coletados em Blumenau/SC. Este capítulo é apresentado como parte de um artigo (*Fungal diversity notes 253-366: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa*) publicado na revista *Fungal Diversity* com a participação de pesquisadores micólogos de diversas partes do mundo.

Todas as referências bibliográficas citadas na Introdução, Material & Métodos e início dos Resultados & Discussão são apresentadas antes das considerações finais; as referências dos demais capítulos são apresentadas no final de cada um deles. E como material suplementar, são apresentados os blocos utilizados nas análises filogenéticas moleculares (partições para RAxML e bloco BEGIN MRBAYES) e os protocolos de purificação e Reação de Polimerase em Cadeia de cada um dos quatro marcadores.

2. INTRODUÇÃO

Os fungos estão entre os seres vivos mais diversos, com estimativas que variam de 1,5 à 6 milhões de espécies (Blackwell 2011; Hawksworth 2004; Taylor et al. 2014). São participantes ativos na ciclagem de nutrientes dos ecossistemas, sendo capazes de ocupar os mais diferenciados nichos (Huhndorf et al. 2004). Dentre os Agaricomycetes Doweld (Basidiomycota R.T. Moore) estão os fungos poliporoides lignolíticos, que utilizam a madeira como substrato. Destes, os representantes de Hymenochaetaceae [(clado F de Larsson et al. (2006)] são caracterizados principalmente pelo escurecimento permanente das hifas quando em contato com KOH (reação xantocroica), por conterem estililpirenos que lhes conferem coloração marrom, pela presença de hifas generativas com septos simples, pela presença ou ausência de setas himeniais e/ou tramais e por causar podridão branca na madeira, degradando a lignina, celulose e hemicelulose (Cannon & Kirk 2007; Huhndorf et al. 2004; Wagner & Fischer 2002).

O gênero *Phellinus* Quéél. em seu sentido amplo representa um dos grandes grupos de Hymenochaetaceae, com uma ampla distribuição de espécies parasitas e/ou saprófitas (Fischer & Binder 2004). Muitos autores, baseados principalmente no mitismo (sistema hifal dimítico) e sazonalidade (espécies perenes) dos basidiomas, consideraram muitos gêneros descritos no século XX como sinônimos de *Phellinus* Quéél. (Cunningham 1947; Larsen & Cobb-Pouille 1990; Lowe 1957; Reid 1963; Ryvardeen 2004; Wright & Blumenfeld 1984). No entanto, estes caracteres começaram a

ser questionados (Corner 1991; Dai 1999; Fiasson & Niemelä 1984; Hansen & Knudsen 1997; Jahn 1981) e *Phellinus s.l.* é considerado atualmente um grupo não-natural.

Trabalhos filogenéticos morfológicos e filogenéticos moleculares têm demonstrado que esse grupo polifilético apresenta vários agrupamentos menores, os quais foram corroborados como monofiléticos, representando até mesmo alguns dos gêneros anteriormente sinonimizados (Fiasson & Niemelä, 1984; Fischer, 1996; Hansen & Knudsen, 1997; Wagner & Fischer, 2001, 2002). Entre eles estão *Phellinus s.s.*, que corresponde ao grupo *Phellinus igniarus* Quéél., *Porodaedalea* Murril ao *Phellinus pini* (Brot.) Bondartsev & Singer, *Fuscoporia* Murrill ao *Phellinus ferruginosus* (Schrad.) Pat. e *Fomitiporia* Murrill ao *Phellinus robustus* (P. Karst.) Bourdot & Galzin (Fischer & Binder, 2004).

O gênero *Fomitiporia* foi proposto por Murrill (1907), tendo *F. langloisii* Murrill como espécie tipo, mas posteriormente, sinonimizada para *Phellinus* (Ryvarden, 1991). Porém Fischer (1996), considerando dados morfológicos e análises moleculares (análises de restrição de mtDNA e rDNA) propôs o *status* genérico para o grupo *Phellinus robustus*, ou seja, *Fomitiporia* como um gênero distinto de *Phellinus*. Wagner & Fischer (2001, 2002), a partir de dados moleculares (nrLSU) e morfológicos de espécimes da Europa, reafirmaram *Phellinus s.l.* como polifilético e corroboraram *Fomitiporia* para o grupo *P. robustus*.

Fomitiporia é caracterizado por apresentar basidiomas perenes, ressupinados a pileados, basidiósporos globosos a subglobosos, de parede espessada, dextrinoides, cianófilos e com setas himeniais presentes em algumas espécies (Decock et al. 2007). De acordo com a literatura mais atualizada,

atualmente, cerca de 40 espécies são aceitas no gênero (Amalfi & Decock 2013; Amalfi et al. 2014; Campos-Santana et al. 2013; Decock et al. 2007; Vlázak & Kout 2011).

O gênero apresenta muitas espécies saprófitas generalistas que decompõem a madeira morta e possuem, muitas vezes, ampla distribuição geográfica; porém, há também algumas espécies sabidamente parasitas (Fischer 2002; Cloete et al. 2014; Ota et al. 2014; Robledo et al. 2006; Terashima 2013). Há evidências que estas últimas apresentam relação fungo-hospedeiro com alguma especificidade, a nível genérico ou até mesmo nível específico, e com distribuição geográfica restrita. Dentre elas, *Fomitiporia cupressicola* Amalfi, Raymundo, Valenz. & Decock foi descrita a partir de espécimes encontrados parasitando *Cupressus arizonica* Greene (noroeste do México, Amalfi et al. 2012), *F. punicata* Y.C. Dai, B.K. Cui & Decock coletada exclusivamente em *Punica granatum* L. (norte da China, Dai et al. 2008) e *F. tabaquilio* (Urcelay, Robledo & Rajchenb.) Decock & Robledo, que vem sendo registrada em *Polylepis australis* Bitter e *P. tomentella* Wedd. (centro e noroeste da Argentina, Robledo et al. 2006).

Filogeneticamente, *Fomitiporia* foi evidenciado como monofilético por Fischer (1996) e Wagner & Fischer (2001, 2002). Atualmente, nos estudos realizados em áreas antes pouco exploradas (Neotropical e Paleotropical, Olson et al. 2001), através de estudos moleculares multi-gênicos, vêm revelando muitas espécies novas, inclusive evidenciando espécies crípticas (Amalfi et al. 2010, 2012, 2013, 2014). As análises filogenéticas moleculares apontam, ainda, uma única origem das espécies Neotropicais. E, neste clado Neotropical, vem sendo demonstrado uma evolução em comum entre as

espécies ressupinadas—a linhagem *F. langloisii* (Amalfi & Decock 2013). Amalfi et al. (2014) sugerem este clado como linhagem *F. castilloi*—*F. langloisii*, devido ao posicionamento de *F. castilloi* Decock & Amalfi, até então basal, ao clado das espécies ressupinadas. *Fomitiporia castilloi*, até o momento, é a única espécie pileada Neotropical, que não se agrupa às outras pileadas (Amalfi & Decock 2013; Amalfi et al. 2014).

Entre as espécies pileadas que vem recebendo atenção, destaca-se *Fomitiporia apiahyna* (Speg.) Robledo, Decock & Rajchenb., publicada por Spegazzini (1887) como *Fomes apiahynus* Speg., a partir de um espécime coletado na região de Apiaí (São Paulo, Brasil). Mais tarde, Rajchenberg & Wright (1987) combinaram a espécie em *Phellinus apiahynus* (Speg.) Rajchenb. & Wright, onde os mesmos autores citam como sinônimo *P. elegans* J.E. Wright & Blumenf. - táxon descrito por Wright & Blumenfeld (1984) a partir de uma coleta de Misiones, Argentina. Amalfi et al. (2010), a partir de análises morfológicas e filogenéticas moleculares e considerando a circunscrição do gênero *Fomitiporia* de Wagner & Fischer (2001, 2002) e de Decock et al. (2007), propuseram então a combinação nova, *F. apiahyna*.

Conforme a circunscrição morfológica de Ryvardeen (2004, como *Phellinus apiahynus*), *Fomitiporia apiahyna* é caracterizada por apresentar basidioma perene, séssil, triquetoso, unglado a aplanado; superfície abhiminal lisa, marrom escuro a negro, densamente sulcada, concêntricamente zonada, com porções velhas enegrecidas e margem afilada; superfície dos poros marrom acinzentada, poros circulares de 7–9 por mm; contexto marrom amarelado; sistema hifal dimítico, hifa esquelética não ramificada, hifa generativa hialina simples septada; basidiósporos subglobosos, hialinos, parede

engrossada, dextrinoide de $5-6 \times 4,5-5 \mu\text{m}$ e setas ausentes. Segundo os registros de ocorrência, *F. apiahyna* apresenta uma ampla distribuição, ocorrendo no sul da Flórida (Vlasák et al. 2011), México (Raymundo et al. 2012), Costa Rica (Ryvarden 2004), Panamá (Gilbert et al. 2002), Equador, Guiana Francesa (Amalfi et al. 2010), Brasil e norte da Argentina (Loguercio-Leite & Wright 1991; Rajchenberg & Wright 1987; Wright & Blumenfeld 1984). No Brasil, tem registros de ocorrência de *F. apiahyna* na Amazônia (para o RR por Jesus 2012) e Mata Atlântica (para o BA e PE por Lira et al. 2016; SC, RS e PR por Campos-Santana et al. 2015; Drechsler-Santos et al. 2008; Gráf-Peters et al. 2011; Groposo & Loguercio-Leite 2002; Loguercio-Leite & Wright 1991; Silveira et al. 2008).

Recentemente, a partir de espécimes da Guiana Francesa (25), Equador (6), Guiana (2), México (2) e Guadalupe (1), Amalfi & Decock (2013) e Amalfi et al. (2014) verificaram com abordagem molecular (nrITS, nrLSU, *tefl- α* e *rpb2*) que materiais morfológicamente relacionados à *Fomitiporia apiahyna* correspondem a cinco linhagens distintas. Uma delas, *Fomitiporia apiahyna sensu* Amalfi & Decock, com espécimes morfológicamente mais próximos ao holótipo e *Fomitiporia* sp. PS (*Phylogenetic Species*) 1, PS2, PS3 e PS4 como *F. apiahyna s.l.* (Amalfi & Decock 2013). Desse modo, os referidos autores apresentam evidências claras de que o táxon possa tratar-se de um complexo de espécies (Taylor et al. 2000, 2006), podendo inclusive algumas ocorrerem de forma simpátrica em florestas no Equador e Guiana Francesa, como por exemplo, *Fomitiporia apiahyna sensu* Amalfi & Decock e *Fomitiporia* sp. PS3 (ver filograma de Amalfi & Decock 2013). É importante ressaltar que materiais do Brasil não estão presentes nas filogenias, como o

holótipo de *F. apiahyna* e/ou materiais da localidade do tipo. Dessa forma, a inclusão de espécimes do Brasil traria um panorama mais completo das relações filogenéticas entre as linhagens, e auxiliaria na circunscrição de *F. apiahyna sensu stricto* e de táxons relacionados. Além de revelar uma diversidade desconhecida, tendo em vista, principalmente, as relações fungo-hospedeiro e os processos biogeográficos distintos.

Diante do exposto, faz-se necessário realizar um estudo, a partir de uma abordagem integrativa (*Consolidated Species Concept* por Quaedvlieg et al. 2014), para acessar uma diversidade ainda desconhecida de espécies pileadas de *Fomitiporia* que ocorrem no Brasil, especificamente de morfologias relacionadas ao complexo ou de espécimes pileados morfologicamente distintos.

3. OBJETIVOS

O objetivo geral deste trabalho foi investigar os fungos poliporoides de Hymenochaetaceae, para conhecer a diversidade de espécies pileadas de *Fomitiporia* que ocorrem no Brasil.

Os objetivos específicos foram:

- Realizar coletas de espécimes pileados de *Fomitiporia* em diferentes ecossistemas da Mata Atlântica, do Cerrado e da Amazônia do Brasil, assim como obter os dados sobre os hospedeiros destes espécimes;
- Realizar coletas de espécimes morfológicamente relacionados ao complexo *F. apiahyna* e revisar morfológicamente exsiccatas de *F. apiahyna* depositados em coleções de herbários, incluindo materiais tipo;
- Realizar extrações de DNA, amplificação e sequenciamento de regiões gênicas selecionadas (nrITS, nrLSU, *rpb2* e *tefl-a*) dos espécimes coletados e de herbário, a fim de reconstruir hipóteses filogenéticas;
- Analisar criticamente a morfologia macro e microscópica dos espécimes coletados e de coleções de herbário com o intuito de buscar entendimento e circunscrição das espécies;
- Descrever as espécies novas considerando aspectos ecológicos (distribuição geográfica e especificidade fungo-hospedeiro) para circunscrição dos táxons.

4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados, molecular e morfológicamente, espécimes previamente determinados como *Fomitiporia apiahyna* (\equiv *Phellinus apiahynus*) ou com morfologia semelhante. Espécimes provenientes do Peru, Colômbia e, principalmente, do Brasil, oriundos de coleções de herbários (NY, BPI, FLOR e FURB) e/ou de coletas periódicas na Mata Atlântica dos Estados Santa Catarina e São Paulo, do Cerrado do Estado Mato Grosso e Amazônia dos Estados Amazonas e Mato Grosso (Apêndice C e D), tanto durante o mestrado, por mim e por outros coletores, como durante a graduação. Acrônimos dos herbários estão de acordo com Thiers (2016). As pranchas taxonômicas e descrições existentes na literatura (Amalfi & Decock, 2013; Amalfi et al. 2014; Murril 1907; Ryvardeen 2004; Spegazzini 1887; Wright & Blumenfeld 1984), principalmente dos protólogos, também foram consultados. O conceito de espécie utilizado nesse trabalho foi o consolidado (Quaedvlieg et al. 2014), alinhando os dados morfológicos, ecológicos e filogenéticos moleculares.

4.1 Procedimento para coletas e análises morfológicas

Foram coletados espécimes cuja morfologia se assemelha à *Fomitiporia apiahyna sensu lato*, *Fomitiporia robusta* e *Phellinus elegans*, além de espécimes pileados da família. Os locais e datas de coletas estão listados no Apêndice C. Os basidiomas foram levados para o laboratório de

Micologia/UFSC e em seguida mantidos por 12 à 24h em estufa para desidratação (30° a 35°C). Foram armazenados fragmentos dos basidiomas envoltos em papel “manteiga” e acondicionados em sacos hermeticamente fechados (tipo *ziplock*) com sílica, a fim de preservar o DNA para estudos moleculares. Após a identificação, os materiais foram depositados no herbário FLOR (UFSC).

Os basidiomas foram analisados quanto aos caracteres macro e microscópicos. Os caracteres macromorfológicos observados foram: hábito (sésil/ressupinado/efuso-reflexo), sazonalidade, dimensões do basidioma (contexto/tubos/poros), bem como caracteres do himenóforo (poros: tipo/formato e nº por milímetro linear e tamanho do dissepimento), do contexto, dos tubos e da superfície superior dos basidiomas. A determinação das cores foi feita de acordo com Kornerup & Wanscher (1981). Também foram levados em consideração informações do substrato (hospedeiro: possível identificação e condição vivo ou morto).

Para a análise microscópica, foram realizados cortes dos basidiomas (contexto e tubos) à mão livre, sob microscópio estereoscópico. Os cortes foram montados em lâminas e lamínulas seguindo Teixeira (1995): Água destilada (para hidratar e observar a coloração natural das hifas e basidiósporos), KOH 2-3% (hidratante e reagente para observação de reação xantocroica das hifas e basidiósporos), Floxina 1% (corante para observar as características das hifas generativas, himênio e basidiósporos), reagente de Melzer [para observar a presença (IKI+) ou ausência (IKI-) das reações de dextrinoidia nas hifas e basidiósporos] e Azul de algodão (para observar a presença (CB+) ou ausência (CB-) da reação de cianofilia nos basidiósporos) foram utilizados de modo

combinado ou individualmente. Os caracteres microscópicos observados foram: os tipos de hifas (sistema hifal), presença ou ausência de elementos estéreis (setas, cistidiolos), basídios e basidiósporos (tamanho, formato, espessura da parede, presença ou não de reações). Cortes do contexto e himenóforo foram tratados em solução de NaOH 5% *overnight* a 40°C, para posterior dissecação sob microscópio estereoscópio em temperatura ambiente, e análise em microscópio óptico nos aumentos de 400x e 1000x, para melhor observação do sistema hifal. A observação e mensuração (n = 40) das estruturas foram realizadas com ocular micrométrica e os valores foram tabulados em planilha do Microsoft Excel. Tanto para calcular a média (*ave*), quanto a razão entre o comprimento e o diâmetro (diam.) dos basidiósporos (Q) e sua média (*aveQ*). Também é calculada a variação em 5% dos valores menores e maiores, e os valores menores e maiores de 100% dos valores; valores dados entre parênteses, quando pertinente. A fórmula utilizado é a de percentil [=PERCENTIL(matriz;k)], onde o k = percentil e a matriz corresponde às 40 medições, tanto de comprimento, quanto de diâmetro, calculados separadamente. Apresentado graficamente como, COMPRIMENTO ($k=0^{\text{hifen}}$ $k=0,05^{\text{hifen}}$ $k=0,95^{\text{hifen}}$ $k=1^{\text{hifen}}$) × DIÂMETRO ($k=0^{\text{hifen}}$ $k=0,05^{\text{hifen}}$ $k=0,95^{\text{hifen}}$ $k=1^{\text{hifen}}$).

4.2 Análises Filogenéticas Moleculares

As análises filogenéticas foram realizadas a partir de uma matriz concatenada com as sequências de DNA da região nuclear ribossomal; os genes codificantes de não proteínas: 28S

(nrLSU) e 5.8S (mais os espaçadores transcritos internos, ITS1 e ITS2), e os genes codificantes de proteínas: *tefl- α* que codifica o fator de alongamento 1- α da tradução e o *rpb2*, que codifica a segunda maior subunidade da RNA polimerase II (Matheny et al. 2007). Nós utilizamos tanto as sequências disponibilizadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>) a partir dos trabalhos de Amalfi et al. (2010, 2012, 2014), Amalfi & Decock (2013) e Campos-Santana et al. (2013), quanto daquelas provenientes da execução deste trabalho (conforme Tab. I do Capítulo I). Nas descrições dos táxons, um asterisco (*) foi utilizado para apontar os espécimes que foram incluídos na filogenia.

Para a extração do DNA dos materiais, foi seguido o Protocolo de Doyle & Doyle (1987) modificado por Góes-Neto et al. (2005). Para amplificação das regiões nrLSU, nrITS, *tefl- α* e *rpb2*, (Apêndice F e Anexo II) foram utilizados os pares de *primers* LR0R/LR7, ITS8F/ITS6R, EF1-983F/EF1-2212R e fRPB2-5F/bRPB2-7.1R, respectivamente (Amalfi et al. 2010, 2012; Decock et al. 2007; Detinger et al. 2010). Os produtos da amplificação foram purificados conforme protocolo PEG (Anexo I) e enviados para reação de sequenciamento na Plataforma de Tecnologias (PDTIS) da Fiocruz de Belo Horizonte, no âmbito do projeto de BrBol - “Identificação molecular de fungos do Brasil”. As reações de sequenciamento foram preparadas conforme orientações do fabricante: 1 μ L BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), 1 μ L 5x Buffer, 1 μ L primer, 5 μ L H₂O q.s.p., to 2-2,5 μ L do produto da PCR. Os *primers* para sequenciamento foram modificados no caso de LSU (LR5 ao invés de LR7) e adicionados EF1-1567R e EF1-

1577F para *tefl-α* e bRPB2-6F em algumas amostras para *rpb2* (primers conforme Vilgalys Laboratory).

As sequências obtidas foram alinhadas utilizando o MAFFT (Kato & Standley, 2013). Os alinhamentos foram posteriormente editados manualmente, utilizando o programa MEGA 6.0.6. Regiões de alinhamento ambíguo do ITS1 e ITS2 foram removidas com o programa Gblock 0.91b conforme os parâmetros: *Minimum number of sequences for a conserved position: 53%; Minimum number of sequences for a flank positions: 55%, Maximum number of contiguous nonconserved positions: 8; Minimum length of a block: 2; allowed gap position: with half.* Para os espécimes FLOR 58564, FURB 47591 e FLOR 51132, somente a região nrITS foi sequenciada, e para as análises, as outras três regiões foram consideradas como dado ausente.

Para a construção e análise das árvores filogenéticas foram utilizados os métodos de Máxima Verossimilhança com 1.000 pseudoreplicações (*bootstrap*) utilizando o programa RAxML v.8.1.11 (Stamatakis, 2014), disponível na plataforma CIPRES (Miller et al. 2011). A análise, primeiro envolveu 100 buscas de VM independentes, cada uma começando a partir de uma árvore de parcimônia, sob o modelo GTRGAMMAI, com todos os parâmetros estimados pelo software. Nós fornecemos um arquivo com as partições (Apêndice G) do alinhamento para forçar o software RAxML procurar um modelo de evolução para cada conjunto de dados. Para acessar a confiabilidade dos nós, foram computado réplicas de *bootstrap* sob o mesmo modelo, permitindo que o programa parasse automaticamente pela opção autoMRE. Valores de *Bootstrap* (BS MV) ≥ 70 até < 90 foram considerados como um suporte moderado e ≥ 90 como altamente sustentado.

A análise de inferência Bayesiana (IB) foi realizada no programa Mr. Bayes v. 3.2.6 (Ronquist et al. 2012), e os modelos evolutivos para IB foram estimados usando o AIC (Akaike Information Criterion), conforme implementado no software jModelTest2 v.1.6 (Darriba et al. 2012; Guindon & Gascuel, 2003). Ambos os programas utilizados via plataforma CIPRES (Miller et al. 2011). Os modelos que melhor se ajustaram a cada partição foram utilizados nas análises dos dados combinados. Nós configuramos a IB (Apêndice H) para duas corridas independentes, cada uma a partir de uma árvore aleatória, com quatro cadeias simultâneas independentes e realizadas 10.000.000 de gerações Monte Carlo (quando $ASDSF \leq 0.01$), armazenando uma árvore a cada milésima geração. 25 % das árvores inicialmente amostradas foram descartadas conforme configuração *burn in*, verificada pelo critério de convergência (*frequencies of average standard deviation of split* < 0.01) no programa Tracer v.1.6 (Rambaut et al. 2014), o restante foi utilizado para reconstruir uma árvore de consenso (50% *majority-rule*) e para estimar a probabilidade Bayesiana posterior (PBP) dos ramos. Um valor PBP $\geq 0,95$ a $< 0,99$ foi considerado moderado e $\geq 0,99$ foi considerado como altamente significante (Anexo IV para o bloco com as configurações de IB). O grupo externo foi composto por dois espécimes de *Phellinus uncisetus* Robledo, Urcelay & Rajchenb., de acordo com as análises filogenéticas de Decock et al. (2007), Amalfi et al. (2013, 2014).

Após obtenção das topologias finais, sua congruência foi avaliada visualmente, sendo considerados incongruentes apenas clados com configuração diferente que apresentassem suporte significativo e em todos os casos a topologia de VM foi escolhida e os valores de BS VM e PPB foram anotados. A

configuração gráfica da árvore foi primeiro realizada no programa FigTree® v1.4.0, quanto a rotação e disposição dos táxons na topologia, conseguinte as árvores foram salvas em formato PDF e realizada a edição gráfica final no CorelDraw® 11.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram obtidos 79 espécimes com basidiomas pileados (Tab. II). Ao total, foram morfológicamente estudados 79 espécimes (Tab. IV), oriundos de coletas recentes e de coleções de herbário. Dentre as coleções de herbário, foram revisados os materiais-tipo das primeiras espécies do gênero publicadas por Murril (1907), que inclui a espécie tipo do gênero (*Fomitiporia langloisii*), além do isótipo de *F. apiahyna* (\equiv *Fomes apiahynus*); assim como os isótipos de *F. castilloi* e *F. cupressicola*, e material de referência de *F. texana* (Tab. III). Análises morfológicas detalhadas são apresentadas na Tabela I e também nos capítulos I e II.

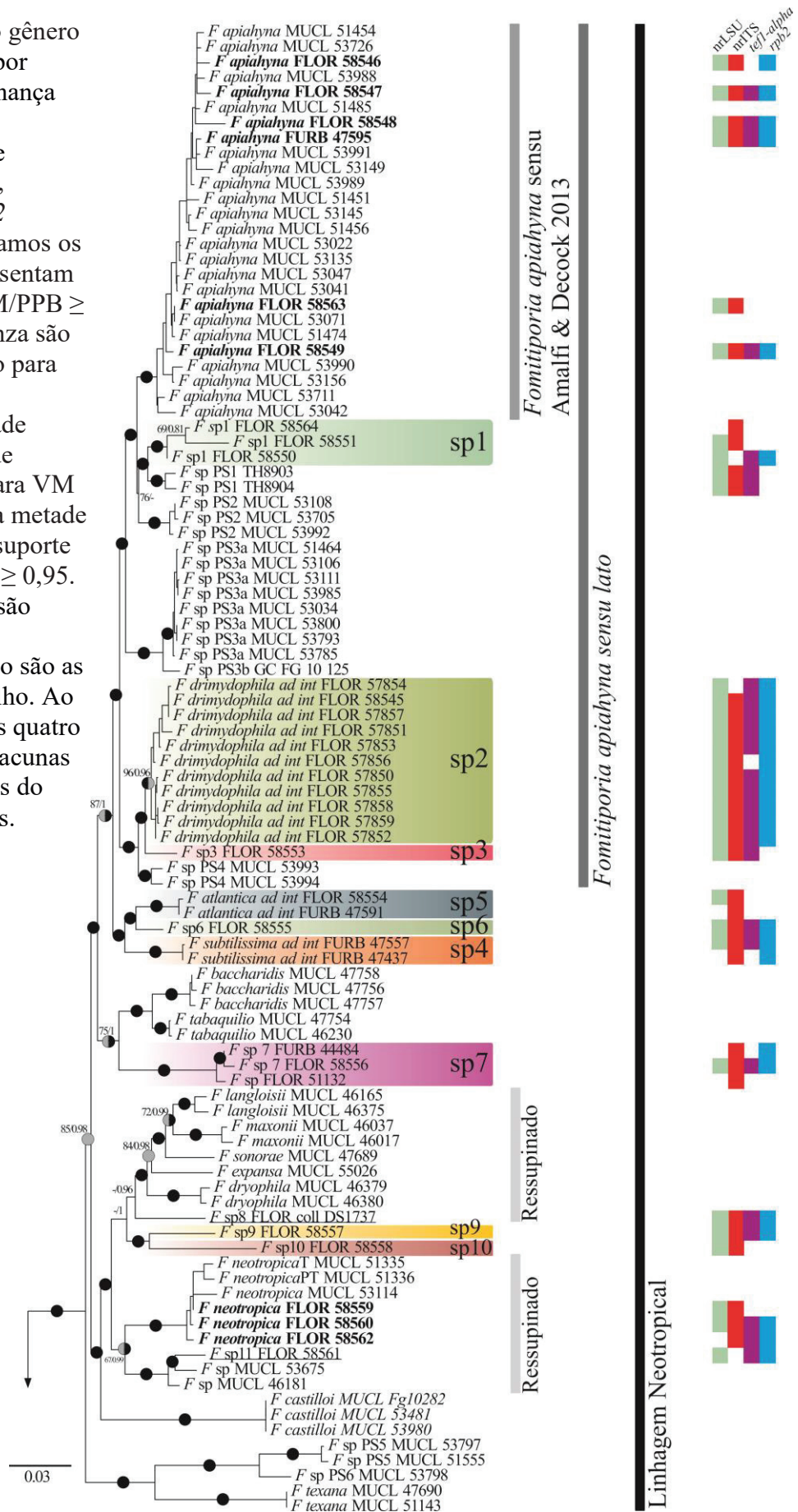
Para as análises filogenéticas, foram extraídos DNA de 81 espécimes, dos quais foram obtidas 75 ampliações de nrITS, 68 de nrLSU, 45 de *tefl- α* e 50 de *rpb2*. A partir dos quais, foram sequenciadas a região nrITS de 39 espécimes, nrLSU de 35, *tefl- α* de 29 e *rpb2* de 30, totalizando 133 sequências.

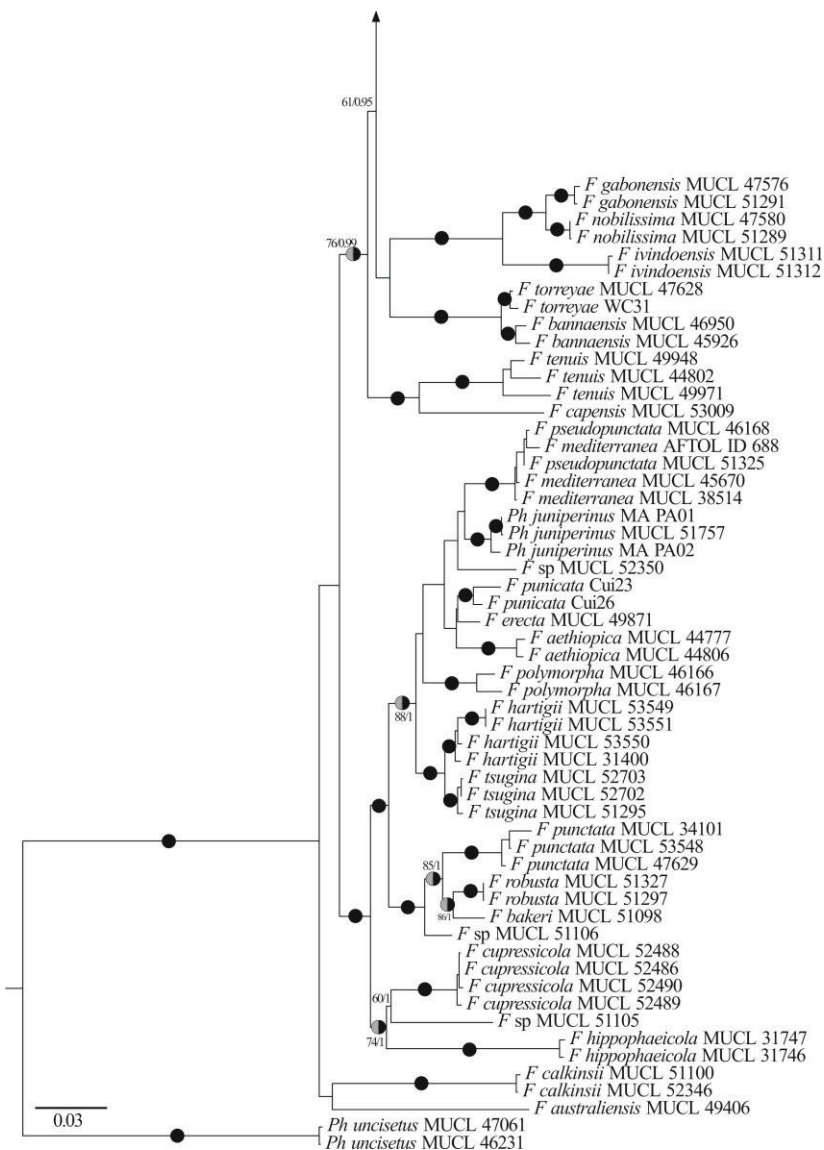
No contexto do gênero *Fomitiporia*, incluindo também as espécies ressupinadas, foram realizadas análises filogenéticas do gênero com os marcadores nrITS, nrLSU, *tefl- α* e *rpb2* concatenados. Para as análises, foram utilizados um total de 154 sequências e 3.647 caracteres. Na análise de inferência Bayesiana, *average standard deviation of split frequencies* estabilizou (aprox. 0.012) depois de 10.456.000 gerações e *average PSRF for parameter values* foi ≥ 1.0 , mostrando que as duas corridas independentes convergiram. Em Verossimilhança Máxima, o critério de *bootstopping* do programa RAxML indicou 252 pseudoreplicações como

suficiente para acessar o suporte. Somente a topologia de MV é exibida, porém tanto os suportes de MV quanto de PPB são apontados nos ramos.

No filograma (Fig. 1) a seguir, são apresentadas as distintas linhagens de *Fomitiporia apiahyna s.l.*, tanto as linhagens previamente apresentadas por Amalfi & Decock [2013, *Fomitiporia apiahyna sensu* Amalfi & Decock (*sensu* AD), *Fomitiporia* sp. PS1, PS2, PS3 e PS4], quanto os espécimes da Amazônia (MT), Cerrado (MT) e Mata Atlântica (SC) que posicionaram-se no clado *F. apiahyna sensu* AD, e outras linhagens da Mata Atlântica de SC (*Fomitiporia* sp. 1, *F. drimyodophila* ad int. sp. nov. e *Fomitiporia* sp. 3) que situaram-se em *F. apiahyna s.l.*. Adicionalmente, outras linhagens posicionaram-se no clado da linhagem Neotropical, proximamente relacionadas à linhagem *F. apiahyna s.l.* (*F. atlantica* sp. nov., *F. subtilissima* sp. nov., *Fomitiporia* sp. 6, *Fomitiporia* sp. 7, *Fomitiporia* sp. 9 e *Fomitiporia* sp. 10).

Fig. 1. Filograma do gênero *Fomitiporia* obtido por Máxima Verossimilhança (\log likelihood –In 28158.65) a partir de seqüências de nrITS, nrLSU, *tef1-a* e *rpb2* concatenadas. Nos ramos os círculos pretos representam alto suporte com VM/PPB \geq 90/0,99. Círculos cinza são de suporte moderado para VM/PPB \geq 70/0,95. Círculos com a metade esquerda cinza são de suporte moderado para VM \geq 70. Círculos com a metade direita cinza são de suporte moderado para PPB \geq 0,95. As novas linhagens são indicadas nos clados coloridos. Em negrito são as coleções deste trabalho. Ao lado do filograma, as quatro colunas indicam as lacunas em relação às regiões do nrDNA sequenciadas.





5.1 Comentários sobre as espécies pileadas recuperadas nas análises filogenéticas moleculares do gênero *Fomitiporia* (Fig. 1)

Fomitiporia apiahyna (Speg.) Robledo, Decock & Rajchenb. *sensu* Amalfi & Decock Figs. 1 e 2

Basiônimo *Fomes apiahynus* Speg., Boln Acad. nac. Cienc. Córdoba 11(4): 438, 1889.

≡ *Phellinus apiahynus* (Speg.) Rajchenb. & J.E. Wright, Mycologia 79(2): 251, 1987

≡ *Fomitiporia apiahyna* (Speg.) Vlasák & Kout, Mycotaxon 118: 161, 2011

= *Phellinus elegans* J.E. Wright & Blumenf., Mycotaxon 21: 418, 1984

Fomitiporia apiahyna sensu Amalfi and Decock (*sensu* AD), de acordo com Amalfi & Decock (2013), representa a linhagem cuja morfologia dos espécimes estudados pelos autores (Equador e Guiana Francesa, Fig. 2a) é a mesma do holótipo (LPS 24922, isótipo BPI 226926!) de *F. apiahyna* (Fig. 2t, 2u). *Fomitiporia apiahyna sensu* AD é caracterizada morfologicamente por apresentar basidiomas triquetosos, superfície abhimenial com zonações concêntricas, moderadamente sulcadas e basidiósporos medindo $5,9 \times 5,1$ μm em média (Tab. I). Principalmente os espécimes coletados na Amazônia matogrossense (FLOR 58549), Cerrado matogrossense (FLOR 58546, FLOR 58547, FLOR 58548 e FLOR 58563) e na Mata Atlântica catarinense (FURB 47595),

que ficaram posicionadas no clado de *F. apiahyna sensu AD*, apresentam as mesmas características morfológicas dos materiais do Equador, Guiana Francesa e holótipo, exceto pela média do tamanho dos basidiósporos ($4,9 \times 4,4 \mu\text{m}$, Tab. I). Para testar a hipótese de que *F. apiahyna sensu AD* represente de fato *F. apiahyna s.s.* seriam necessários dados moleculares (nrITS, nrLSU, *tefl- α* e *rpb2*) de espécimes da localidade do tipo (Apiáí-SP), cuja morfologia seja similar aos dos espécimes do clado *F. apiahyna sensu AD* e do holótipo.

De acordo com Ryvarden (2004), em *Fomitiporia apiahyna* [como *Phellinus apiahynus* (Speg) Rajch. & Wright], considerando *P. elegans* J.E. Wright & Blumenf. como sinônimo, os basidiósporos apresentam as medidas $5\text{--}6 \times 4,5\text{--}5 \mu\text{m}$. Diferentemente, a análise do tipo realizada por Gerardo Lucio Robledo (comunicação pessoal) mostram que os basidiósporos são ligeiramente maiores ($5\text{--}6,5\text{--}(7) \times (4,5\text{--}) 5\text{--}6 \mu\text{m}$, *ave* = $5,9 \times 5,1 \mu\text{m}$). O isótipo de *F. apiahyna* revisado para este trabalho, compreende apenas uma pequena porção do contexto e não foi possível observar esporos. No entanto, por separação das hifas, foi observado “inchaços” de até $10 \mu\text{m}$ de diâmetro (em NaOH 5%), principalmente no ápice das hifas esqueléticas (Fig. 7ab), informação ainda não registrada em literatura.

A partir deste trabalho, com o posicionamento de espécimes do Brasil em *F. apiahyna sensu AD*, a distribuição geográfica foi ampliada. Antes, *F. apiahyna sensu AD* registrada como ocorrente na Guiana Francesa e Equador, pode ser encontrada também na Amazônia (norte do Mato Grosso), Cerrado (sul do Mato Grosso) e na Mata Atlântica nordeste de Santa Catarina (Vale do Itajaí, Blumenau). Os registros de ocorrência para a Amazônia peruana (FLOR 48516) e

Colômbia (NY00460650) não foram estudados molecularmente, portanto merecem atenção e precisam de mais dados para sua confirmação.

Espécimes examinados: BRASIL, MATO GROSSO: Cuiabá, Parque Nacional de Chapada dos Guimarães, Sítio Vêu de Noiva, 15°24'23.19"S 55°50'12.14"O, sobre árvore morta ainda em pé, 12 Jun 2011, *V. Ferreira-Lopes* 22 (FLOR 58573); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 11 Set 2011, *D. H. Costa-Rezende* 56 (FLOR 58577); *ibid.*, sobre tronco morto, 7 Abr 2015, *D. H. Costa-Rezende* 210 (FLOR 58575); *ibid.*, sobre tronco morto, 5 Ago 2012, *G. Alves-Silva* 273 (FLOR 58584); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 1 Mai 2013, *G. Alves-Silva* 451 (FLOR 58572); *ibid.*, sobre tronco morto, 18 Ago 2013, *G. Alves-Silva* 542 (FLOR 58580); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 12 Nov 2013, *G. Alves-Silva* 548 (FLOR 58587); *ibid.*, Sítio Rio Claro, 15°19'14.13"S 55°52'53.97"O, sobre árvore morta ainda em pé, 7 Jan 2013, *G. Alves-Silva* 362 (FLOR 58582); *ibid.*, sobre tronco morto, 7 Jan 2013, *G. Alves-Silva* 351 (FLOR 58578); *ibid.*, sobre tronco morto, 12 Jan 2014, *L. Pereira-Silva* 41 (FLOR 58583); *ibid.*, sobre tronco morto, 12 Jan 2014, *L. Pereira-Silva* 59 (FLOR 58574); *ibid.*, sobre toco morto 7 Abr 2015, *D. H. Costa-Rezende* 218 (FLOR 58585); *ibid.*, Primavera do Leste, Área de Proteção Permanente, IMAmt, Córrego Alminhas, 15°31'17.16"S 54°12'23.31"O, sobre árvore morta ainda em pé, 12 Nov 2013, *G. Alves-Silva* 548 (FLOR 58587); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 22 Dez 2013, *G. Alves-Silva* 559 (FLOR 58563*); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 22 Dez 2013, *G. Alves-Silva* 564 (FLOR 58588); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 10 Fev 2014, *G. Alves-Silva* 737 (FLOR

58546*); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 10 Fev 2014, *G. Alves-Silva* 738 (FLOR 58548*); *ibid.*, sobre árvore morta ainda em pé, 10 Fev 2014, *G. Alves-Silva* 742 (FLOR 58547*); *ibid.*, Novo Mundo, Parque Estadual Cristalino, Parcelas PPBio, 9°30'49.04"S 55°39'25.75"O, 11 Mar 2015, *D. Batistella* 2-21 (FLOR 58549*); *ibid.*, SANTA CATARINA: Blumenau, Parque Natural Municipal São Francisco de Assis, 26°55'17"S 49°04'18"O, na base de angiosperma viva, 15 Set 2015, *F. Bittencourt* 511 (FURB 47595*); *ibid.*, SÃO PAULO, Apiaí, Mai 1881, *J. Puiggari* 1438 (BPI 226926 **Isótipo**). PERU, CUZCO: Quincemil, 13°12'57"S 70°43'17"O, 722-795 *m.a.s.l.*, sobre angiosperma viva não identificada, 20 Mar 2010, *C. Salvador-Montoya* 148 (FLOR 48516). COLÔMBIA, CAUCA: Munchique, 5 Jul 1968, *A. L. Welden* 4415 (NY00460650).

***Fomitiporia* sp. 1** Figs. 1, 3, 6a

O clado *Fomitiporia* sp. 1 (FLOR 58550, FLOR 58551 e FLOR 58564), pertencente a *F. apiahyna s.l.*, é composto por espécimes com basidiomas de superfície abhiminal marrom avermelhada a negro, com zonações concêntricas, densamente sulcada e com rachaduras (Fig. 3b, 3e, 3i). Ainda, apresenta deposição irregular das camadas de tubos, projetando-se lateralmente a cada camada nova (Fig. 3ab). Dentre os espécimes examinados que compõem o clado *Fomitiporia* sp. 1, as coletas mais antigas do Morro da Lagoa da Conceição em Florianópolis [FLOR 11100 (Fig. 3p), FLOR 31390] apresentam uma margem mais arredondada e bandas espessas na superfície abhiminal. Também do Morro da Lagoa da

Conceição, FLOR 58550* difere dos demais espécimes por depositar as camadas de tubos lateralmente, além disso, foi coletado em árvore viva de *Matayba Guianensis* Aubl. FLOR 58564* (Fig. 3ef), de São Francisco do Sul/SC, em restinga arborea, tem uma margem arredondada e com considerável distância entre uma e outra camada de crescimento (camada de tubos) (Fig. 3f). Enquanto que, o espécime FLOR 58551 foi coletado sobre árvore viva, em uma Floresta Estacional Decidual, próxima ao rio Uruguai em Concórdia/SC.

Microscopicamente, os espécimes de *Fomitiporia* sp. 1 apresentam basidiósporos com tamanho levemente maiores daqueles observados nos espécimes de *F. apiahyna sensu* AD do Brasil ($ave = 5.8 \times 5.4 \mu\text{m}$, $ave = 4.9 \times 4.4 \mu\text{m}$, respectivamente). No entanto, é similar no tamanho com os do holótipo ($ave = 5.9 \times 5.1 \mu\text{m}$) de *F. apiahyna* (Tab. I). O fato de esses espécimes poderem representar o mesmo táxon foi baseado principalmente nas relações filogenéticas moleculares (Fig. 1). No entanto, são necessárias mais coletas para entender se há realmente uma ampla variação morfológica ou se neste clado há mais de uma espécie, além de ser necessário avaliar as relações ecológicas (fungo-hospedeiro e distribuição geográfica) e também preencher as lacunas de seqüências de DNA, buscando dar robustez às hipóteses.

A distribuição geográfica de *Fomitiporia* sp. 1 se restringe à Floresta Estacional Decidual do sudoeste de SC, à Floresta Ombrófila Densa de Florianópolis e à restinga arborea do Parque Estadual de Acaraí, São Francisco do Sul, SC.

Espécimes examinados: BRASIL, SANTA CATARINA: São Francisco do Sul, Parque Estadual de Acaraí, Praia Grande, 26°17'23.52"S 48°32'36.94"O, toco morto, 5 Ago 2014, G.

Alves-Silva 615 (FLOR 58564*); *ibid.*, Concórdia, Parque Estadual Fritz Plaumann, Trilha da Canafístula, 27°17'58.21"S 52°08'09.39"O, sobre angiosperma viva não identificada, 22 Dez 2014, *G. Alves-Silva* 704 (FLOR 58551*); *ibid.*, na base de angiosperma viva não identificada, 20 Dez 2011, *E. R. Drechsler-Santos* 719 (FLOR 58571); *ibid.*, Florianópolis, Morro da Lagoa da Conceição, CASAN, 27°35'09.2"S 48°28'36.7"O, sobre *Matayba guianensis* viva, 15 Set 2015, *G. Alves-Silva* 748 (FLOR 58550*); *ibid.*, sobre madeira, 09 Jul 1991, *Loguercio-Leite, C.* (FLOR 31390); *ibid.*, toco morto, 02 Mai 1994, *Gerber* 470 (FLOR 11000); *ibid.*, sobre madeira, 22 Set 1994, *Foresti* 535 (FLOR 11100); *ibid.*, sobre madeira, 30 Mai 1995, *Foresti* 667 (FLOR 11209).

***Fomitiporia* sp. 2**

Ver descrição e discussão da espécie nova no Capítulo I.

***Fomitiporia* sp. 3** Figs. 1, 4a, 4b, 4c, 4d, 6c

Fomitiporia sp. 3 está posicionada no clado *F. apiahyna* *s.l.*, é mais proximamente relacionada à *Fomitiporia* sp. 2. O espécime FLOR 58553, foi coletado sobre um toco morto, em Mata Atlântica Ombrófila Densa. *Fomitiporia* sp. 3 é caracterizada principalmente por apresentar uma delimitação bem marcada entre os tubos e o contexto (Fig. 4d), uma distinta linha negra na superfície do píleo e zonações concêntricas pretas no contexto. Alguns espécimes de *Fomitiporia* sp. 2 são macro morfologicamente similares à *Fomitiporia* sp. 3, diferindo principalmente por terem basidiomas robustos e

maiores, além de terem sido coletados em hospedeiro vivo (*Drimys angustifolia* Miers). *Fomitiporia apiahyna sensu* AD tem basidiomas marrons a pretos e com rachaduras. *Fomitiporia* sp. 3, ao contrário, tem basidiomas marrons e menores. Mais coletas são importantes para entender melhor sua morfologia e relações ecológicas, com o intuito de reforçar a hipótese de espécie nova.

Epécime examinado: BRAZIL, SANTA CATARINA: Santo Amaro da Imperatriz, Trilha do hotel Caldas da Imperatriz, 27°44'04.11"S 48°48'21.44"O, sobre toco morto, 15 Nov 2013, E.R. Drechsler-Santos 1288 (FLOR 58553*).

***Fomitiporia* sp. 4**

Ver descrição e discussão da espécie nova no Capítulo II.

***Fomitiporia* sp. 5**

Ver descrição e discussão da espécie nova no Capítulo II.

***Fomitiporia* sp. 6 Figs. 1, 4e, 4f, 4g, 6f**

Fomitiporia sp. 6 está posicionada no clado Neotropical, sendo mais proximamente relacionada à *Fomitiporia* sp. 5 e *Fomitiporia* sp. 4, que juntas formam um clado irmão à linhagem *F. apiahyna s.l.* O espécime FLOR 58555 foi coletado em Apiaí/SP, sobre árvore morta em pé. É caracterizado principalmente por apresentar um basidioma aplanado e, a partir da base, principalmente, obtriquetoso, com

superfície abhimental moderadamente sulcada e contexto entre as camadas de tubos. Microscopicamente, os basidiósporos de *Fomitiporia* sp. 6 ($ave = 5,5 \times 4,9 \mu\text{m}$) são levemente menores do que os do holótipo de *F. apiahyna* ($ave = 5.9 \times 5.1 \mu\text{m}$), tão bem como tem um contexto fino. Apesar de ser uma coleta da localidade do tipo de *F. apiahyna*, a morfologia é bastante distinta. Em relação à *Fomitiporia* sp. 4 e *Fomitiporia* sp. 5, *Fomitiporia* sp. 6 essencialmente apresenta basidiósporos fortemente dextrinoides e levemente maiores, enquanto que *Fomitiporia* sp. 4 e *Fomitiporia* sp. 5 têm variável reação dextrinoide e basidiósporos levemente menores ($ave = 4,5 \times 4 \mu\text{m}$ e $ave = 5 \times 4,6 \mu\text{m}$, respectivamente). Por fim, *Fomitiporia* sp. 6 requer outros espécimes para que as relações entre as espécies sejam melhor esclarecidas, principalmente *F. apiahyna*, devido a proximidade geográfica e o que isso implicaria tratando-se de *F. apiahyna* s.s.

Espécime examinado: BRASIL, SÃO PAULO: Apiaí, Parque Natural Municipal Morro do Ouro, 24°31'13.25"S 48°50'11.13"O, sobre árvore morta ainda em pé, 13 Dez 2014, G. Alves-Silva 674 (FLOR 58555*).

***Fomitiporia* sp. 7** Figs. 1, 5a-c, 5i-q, 6g

Fomitiporia sp. 7, nas análises filogenéticas moleculares (Fig. 1), está posicionada no clado Neotropical e mais proximamente relacionada às espécies andinas, *F. baccharidis* (Pat.) Decock, Robledo & Amalfi e *F. tabaquilio* (Urcelay, Robledo & Rajchenb.) Decock & Robledo. Os espécimes que a compõem foram coletados principalmente em Floresta

Ombrófila Densa Submontana, do nordeste de Santa Catarina (FLOR 58556*, FURB 44484* e FLOR 11767), no entanto, também foram coletados na Floresta Ombófila Densa (FLOR 58570) em Tubarão/SC e Florianópolis (FLOR 10616 e FLOR 51132*). *Fomitiporia* sp. 7 é caracterizada principalmente por apresentar basidiomas pequenos, com até 72 mm de largura e finos com até 21 mm de espessura. Píleo com múltiplas bandas estreitas em vários tons de marrom, margem amarelo vibrante quando jovem e sobreposição incompleta das camadas de tubos em relação à imediata anterior, perceptível principalmente na base do basidioma. Microscopicamente apresenta inchaços ocasionais nas hifas esqueléticas com até 9 µm de diâmetro, além disso os basidiósporos apresentam 6.22×5.53 em média e são fortemente dextrinoides. Em relação à *Fomitiporia* sp. 7, *F. baccharidis* apresenta basidiomas maiores. Já *Fomitiporia tabaquilio* tem basidiomas pseudopileados, até em “formato de travesseiro”. Comparando *Fomitiporia* sp. 7 à *Fomitiporia* sp. 4, que também tem múltiplas bandas estreitas na superfície abhimental, a primeira difere principalmente por apresentar basidiósporos fortemente dextrinoides e maiores ($ave = 6.2 \times 5.6$ µm); ao contrário, *Fomitiporia* sp. 4 tem variável reação dextrinoide e basidiósporos menores ($ave = 4.5 \times 4.0$ µm). *Fomitiporia apiahyna* apresenta basidiomas mais robustos e basidiósporos levemente menores ($ave = 5.9 \times 5.1$ µm), onde infreqüentemente medem 7 µm de comprimento e 6 µm de diâmetro. *Fomitiporia apiahyna* apresenta ainda, bandas espessas e píleo preto sulcado, enquanto que *Fomitiporia* sp. 7 tem múltiplas bandas estreitas, sulcos mais rasos e píleo marrom. *Phellinus elegans* (Fig. 5d-f) é considerado aqui como um bom nome para *Fomitiporia* sp. 7, principalmente por apresentar basidioma aplanado, relativamente pequeno, píleo

marrom, fino e com múltiplas bandas estreitas na superfície abhiminal. *Phellinus elegans* atualmente é sinônimo de *F. apiahyna*, porém, neste estudo, a hipótese de sinonímia é reavaliada e uma combinação nova seria necessária. Para corroborar essas hipóteses, é importante realizar o estudo detalhado dos tipos de *P. elegans* e *F. apiahyna* e avaliar o vínculo morfológico com *Fomitiporia* sp. 7, para um tratamento taxonômico adequado

Fomitiporia sp. 7 distribui-se, em Floresta Ombrófila Densa no Vale do Itajaí e Florianópolis e caso represente de fato *Phellinus elegans*, a distribuição se estenderia para o nordeste da Argentina, Misiones.

Espécimes examinados: BRASIL, SANTA CATARINA: Blumenau, Parque Nacional Serra do Itajaí, Trilha da chuva, 27°03'34.25"S 49°04'57.22"O, sobre árvore morta ainda em pé, 21 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 642 (FLOR 58556*); *ibid.*, Parque Natural Municipal São Francisco de Assis, 26°55'17.4"S 49°04'18.62"W, sobre tronco morto, 14 Ago 2014, *F. Bittencourt* 157 (FURB 44484*); *ibid.*, Florianópolis, Morro da Lagoa da Conceição, sobre madeira, 26 Jul 1988, *C. Loguercio-Leite* 220 (FLOR 10616); Unidade de Conservação Ambiental Desterro, 27°31'52,2"S, 48°30'45"O, 25 Set 2011, *V. Ferreira-Lopes* 58 (FLOR 51132*); *ibid.*, Ilhota, Morro do Baú, 9 Out 1999, *Reis* (FLOR 11767); *ibid.*, Tubarão, Rio do Pouso Alto, Fazenda Lunard, Trilha do rio, 28°22'21.4"S 49°05'57.5"O, 02 Fev 2013, *A.G.S. Silva-Filho* 56 (FLOR 58570).

***Fomitiporia* sp. 8**

Espécime ressupinado, não estudado neste trabalho.

***Fomitiporia* sp. 9** Figs. 1, 4h, 4i, 4j, 4k, 6h

Fomitiporia sp. 9 está posicionada no clado Neotropical e entre as espécies ressupinadas. Foi coletada no Cerrado matogrossense em Mata de vale no Parque Nacional Chapada dos Guimarães. Caracteriza-se por apresentar basidioma amplamente aderido, triquetoso a obtriquetoso, linha negra na superfície do píleo e camadas de tubos indistintamente estratificadas. Microscopicamente, não apresenta diferenças em relação a maioria das espécies, com os basidiósporos medindo em média $5,3 \times 5 \mu\text{m}$. *Fomitiporia* sp. 9 tem morfologia correspondente ao complexo morfológico *F. apiahyna*, principalmente por apresentar sulcos concêntricos no píleo e basidioma triquetoso a obtriquetoso, porém posiciona-se fora de *F. apiahyna sensu lato*. Vale ressaltar a necessidade de coletar outros espécimes, para melhor entender suas relações ecológicas e filogenéticas moleculares.

Espécime examinado: BRASIL, MATO GROSSO: Cuiabá, Parque Nacional de Chapada dos Guimarães, Sítio Véu de Noiva, 15°24'23.19"S 55°50'12.14"O, sobre toco morto, 8 Feb 2015, G. Alves-Silva 726 (FLOR 58557*).

***Fomitiporia* sp. 10** Figs. 1, 4l, 4m, 4n, 4o, 4p, 6i

Fomitiporia sp. 10 juntamente com *Fomitiporia* sp. 9 formam um clado de espécies pileadas, entre as espécies ressupinadas Neotropicais. O que sugere um agrupamento não monofilético para a linhagem *F. castilloi*—*F. langloisii*

(Amalfi & Decock 2013; Amalfi et al. 2014). *Fomitiporia* sp. 10 foi coletada em uma árvore viva de *Protium heptaphyllum* (Aubl.) Marchand na Amazônia amazonense. É caracterizada pelos basidiomas pequenos com até 13 mm de largura, finos, medindo até 8 mm de espessura (Tab. I), espatulados e poros pequenos (8–12 poros/mm). Microscopicamente, tem basidiósporos pequenos ($ave = 4,2 \times 4,1 \mu\text{m}$) e variável reação dextrinoide, sendo negativa (IKI-) em alguns basidiósporos (Fig. 6i). A partir dessas características morfológicas únicas no gênero, e ecológicas quanto ao hospedeiro em particular, somadas às análises filogenéticas moleculares, *Fomitiporia* sp. 10 representa uma nova espécie. Porém, outras coletas são importantes para entender melhor a amplitude morfológica e suas relações ecológicas e filogenéticas moleculares.

Espécime examinado: BRASIL, AMAZONAS: Novo Airão, Parque Nacional Anavilhanas, Igarapé Santo Antônio, 2°24'42.5"S 60°58'08.9"O, em árvore viva de *Protium heptaphyllum* (Aubl.) Marchand, 6 Dez 2013, E.R. Drechsler-Santos 1256 (FLOR 58558*).

APÊNDICE

APÊNDICE A - Figuras

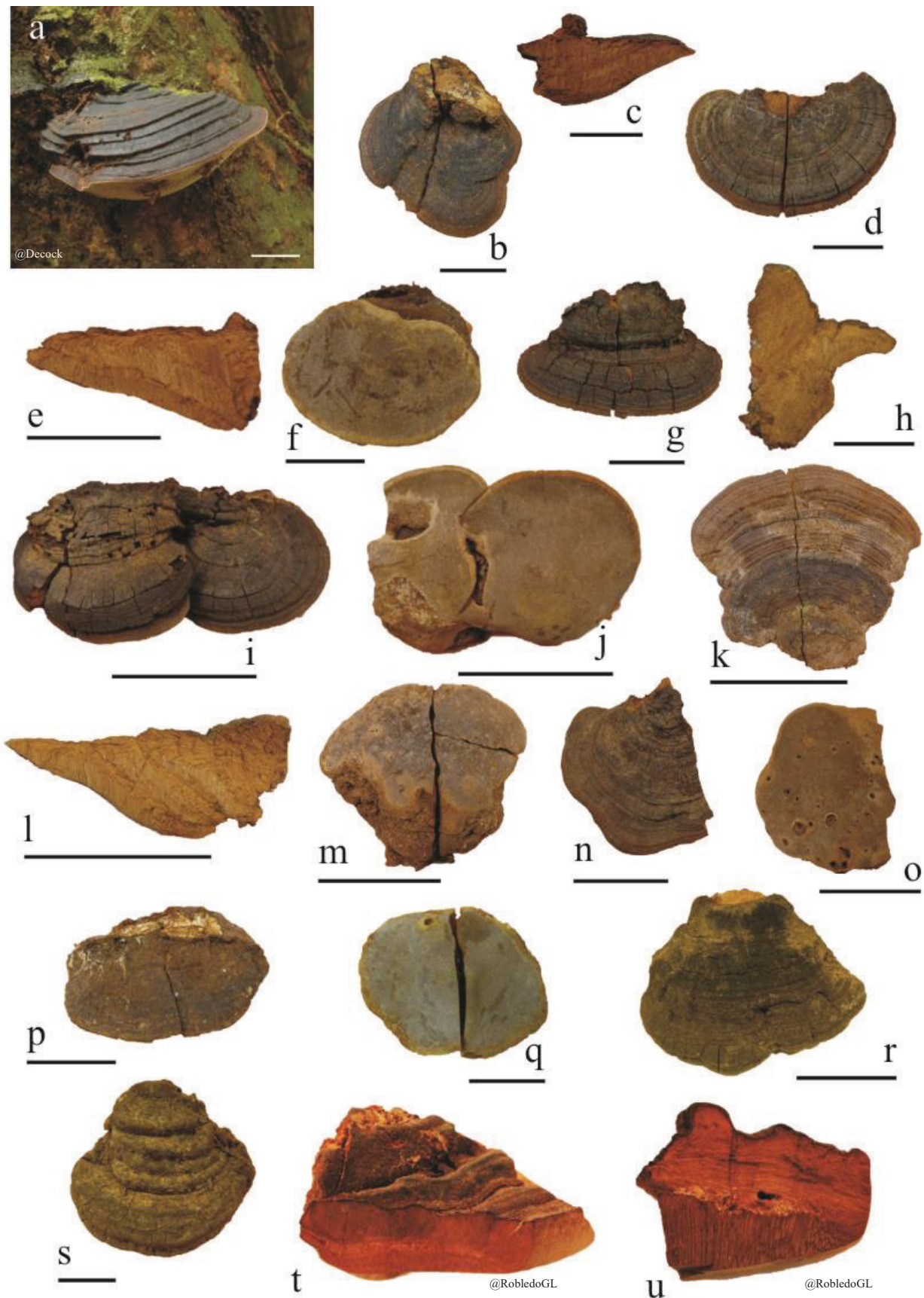


Fig. 2 Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia apiahyna* sensu Amalfi & Decock. MUCL 53022* **a** basidioma *in situ*. (**b, c**) FLOR 58549* **b** superfície abhimenial **c** contexto e camada de tubos. (**d-f**) FLOR 58548* **d** superfície do píleo. **e** contexto e camada de tubos. **f** himenóforo. (**g, h**) FLOR 58587 **g** superfície abmenial. **h** contexto e camada de tubos. (**i, j**) FLOR 58578 **i** superfície do píleo. **j** himenóforo. (**k-m**) FLOR 58585 **k** superfície abhimenial. **l** contexto e camada de tubos. **m** himenóforo. (**n, o**) FLOR 48516 **n** superfície do píleo. **o** himenóforo. (**p, q**) FURB 47595* **p** superfície abhimenial. **q** himenóforo. (**r, s**) NY 460650 **r, s** superfície do píleo. Detalhes da macromorfologia do basidioma do holótipo de *Fomitiporia apiahyna* (**t, u**) LPS 24922 **t** superfície abhimenial. **u** contexto e camada de tubos. *Escalas*. **a-h, p, q** = 20 mm; **i-o, r** = 50 mm; **s-u** = 10 mm.

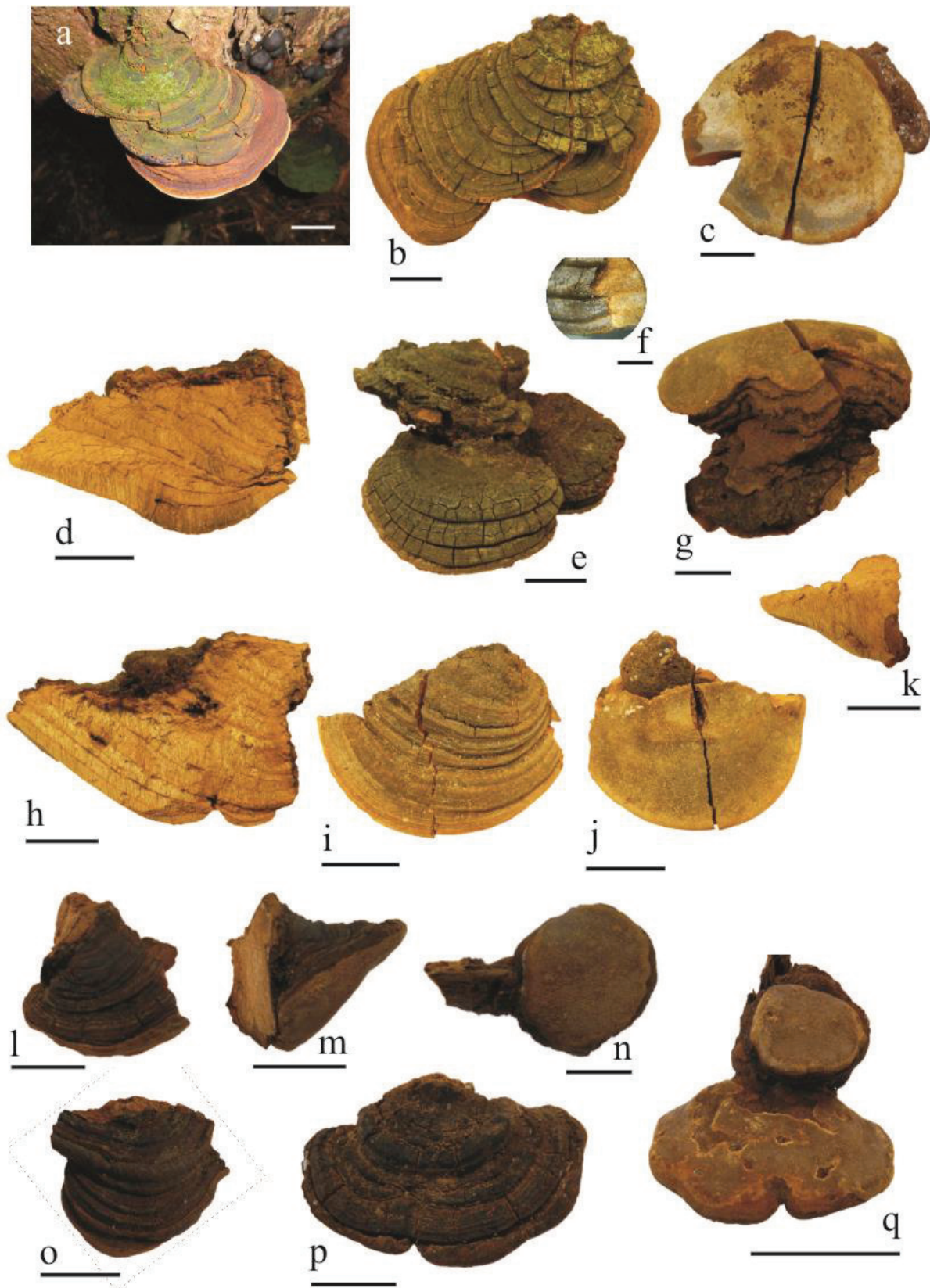


Fig. 3 Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia* sp. 1. **(a-d)** FLOR 58550* **a** basidioma *in situ*. **b** superfície do píleo. **c** himenóforo. **d** contexto e camada de tubos. **(e-h)** FLOR 58564* **e** superfície abhymenial. **f** detalhe da margem. **g** himenóforo e limite de crescimento das camadas. **h** contexto e camada de tubos. **(i-k)** FLOR 58551* **i** superfície do píleo. **j** himenóforo. **k** contexto e camada de tubos. **(l-n)** FLOR 11000 **l** superfície do píleo. **m** superfície abhymenial e himenóforo. **n** superfície himenoforal. **(o-q)** FLOR 11100 **o**, **p** superfície do píleo. **q** himenóforo. *Escala:* **a-e**, **g-k**, **p**, **q** = 20 mm; **l-o** = 10 mm; **f** = 5 mm.

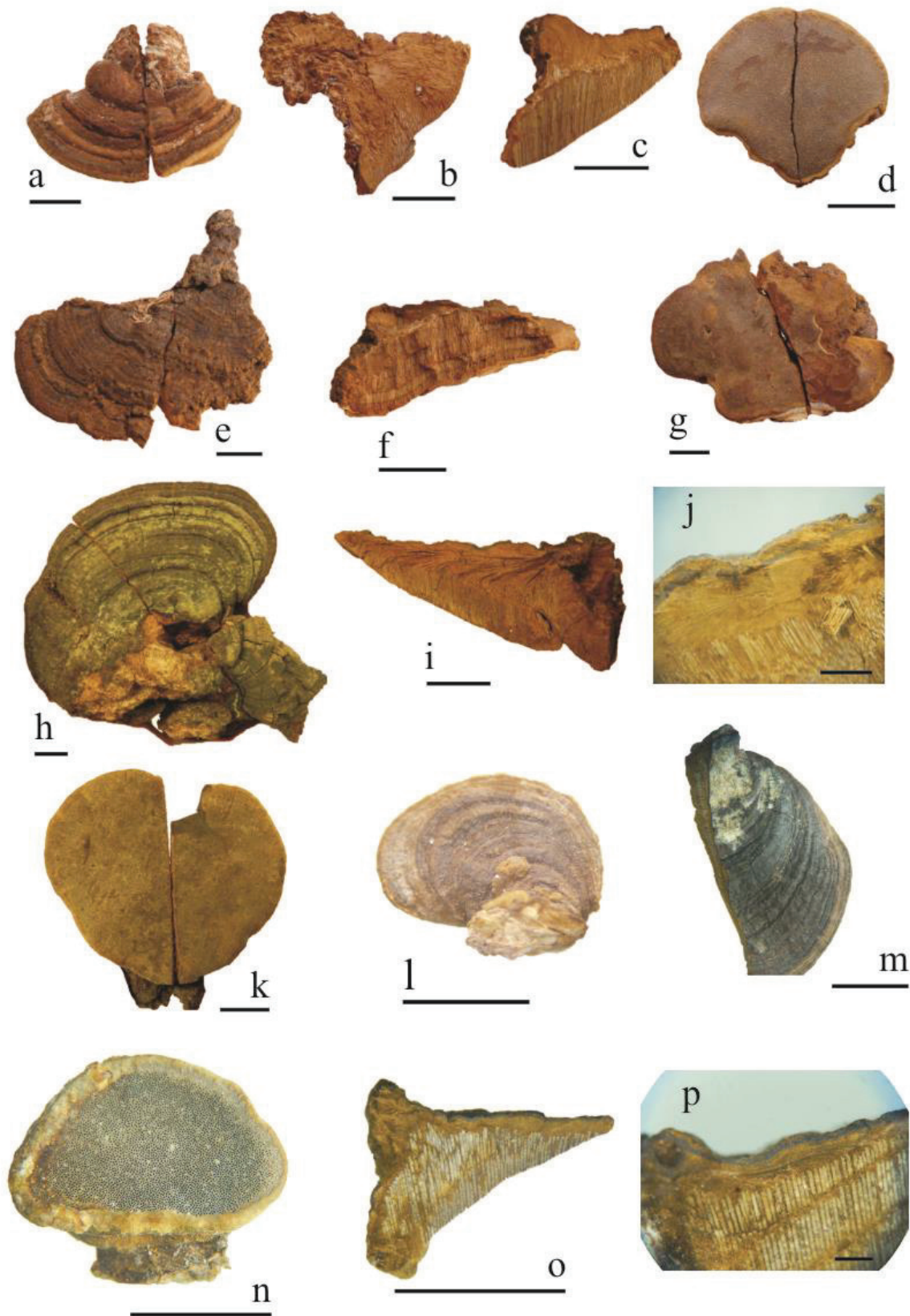


Fig. 4 Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia* sp. 3. (a-d) FLOR 58553* a superfície do píleo. b, c contexto e camada de tubos. d himenóforo. *Fomitiporia* sp. 6. (e-g) FLOR 58555* e superfície abhymenial. f contexto e camada de tubos. g superfície himenoforal. *Fomitiporia* sp. 9. (h-k) FLOR 58557* h superfície do píleo. i contexto e camada de tubos. j detalhe da linha negra na superfície. k himenóforo. *Fomitiporia* sp. 10. (l-p) FLOR 58558* l, m superfície do píleo. n himenóforo. o contexto e camada de tubos. p detalhe da linha negra na superfície. Escala: a-i, k = 10 mm; j, p = 1 mm; l-o = 5 mm.

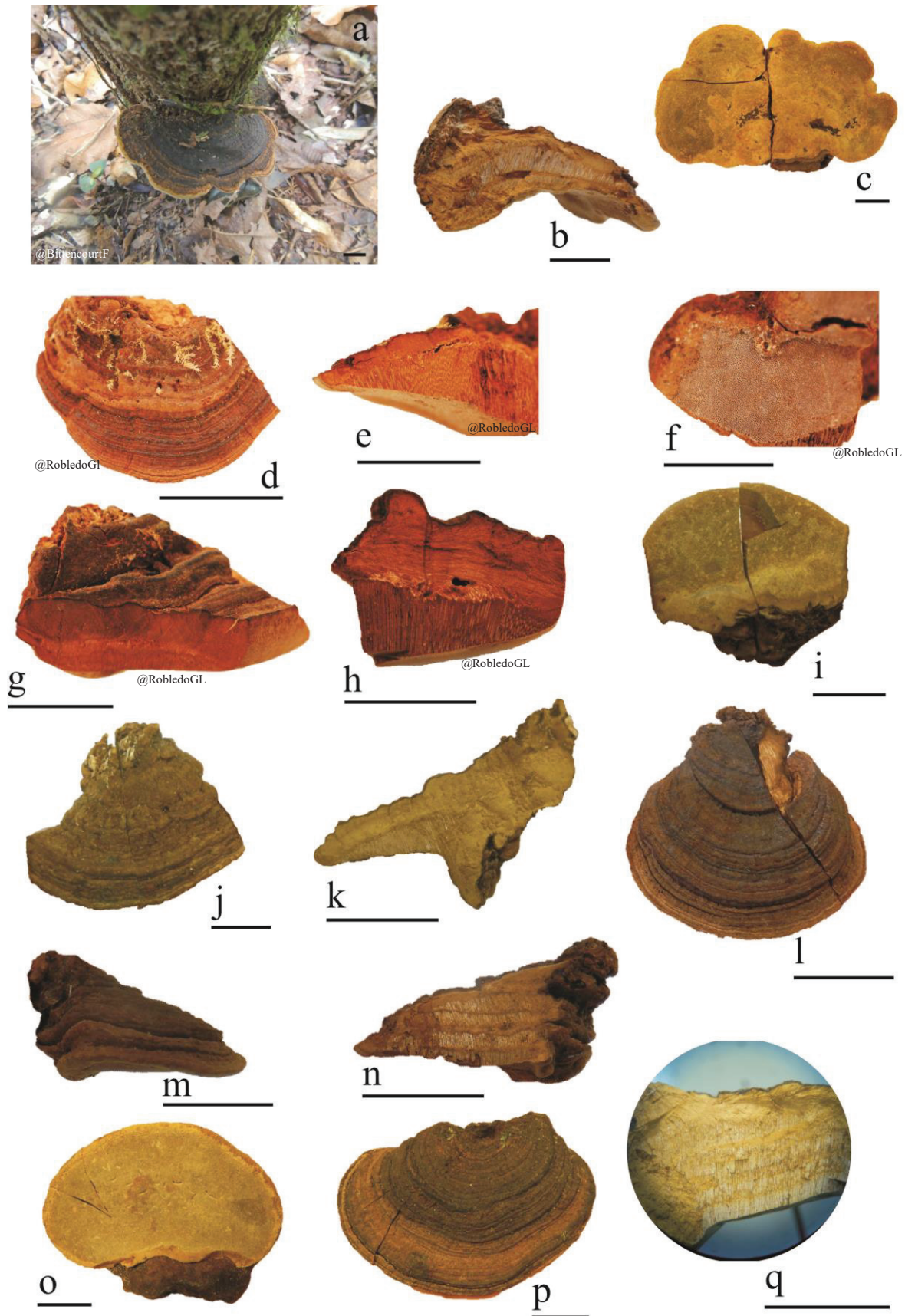


Fig. 5 Detalhes da macromorfologia dos basidiomas de *Fomitiporia* sp. 7 (a-c) FURB 44484* a basidioma *in situ*. b contexto e camada de tubos. c himenóforo. *Phellinus elegans* holótipo (d-f) BAFH 24382 d superfície do píleo. e contexto e camada de tubos. f superfície himenoforal. *Fomitiporia apiahyna* holótipo (g, h) LPS 24922 g superfície abhymenial e detalhe dos sulcos. h contexto e camada de tubos. *Fomitiporia* sp. 7 (i-k) FLOR 58556* i himenóforo. j superfície do píleo. k contexto e camada de tubos. (l-n) FLOR 10616 l superfície abhymenial. m ponto de adesão e detalhe da forma de crescimento. n contexto e camada de tubos. (o-q) FLOR 11767 o himenóforo. p superfície abhymenial. q contexto, camada de tubos e linha negra na superfície. Escala: 10 mm.

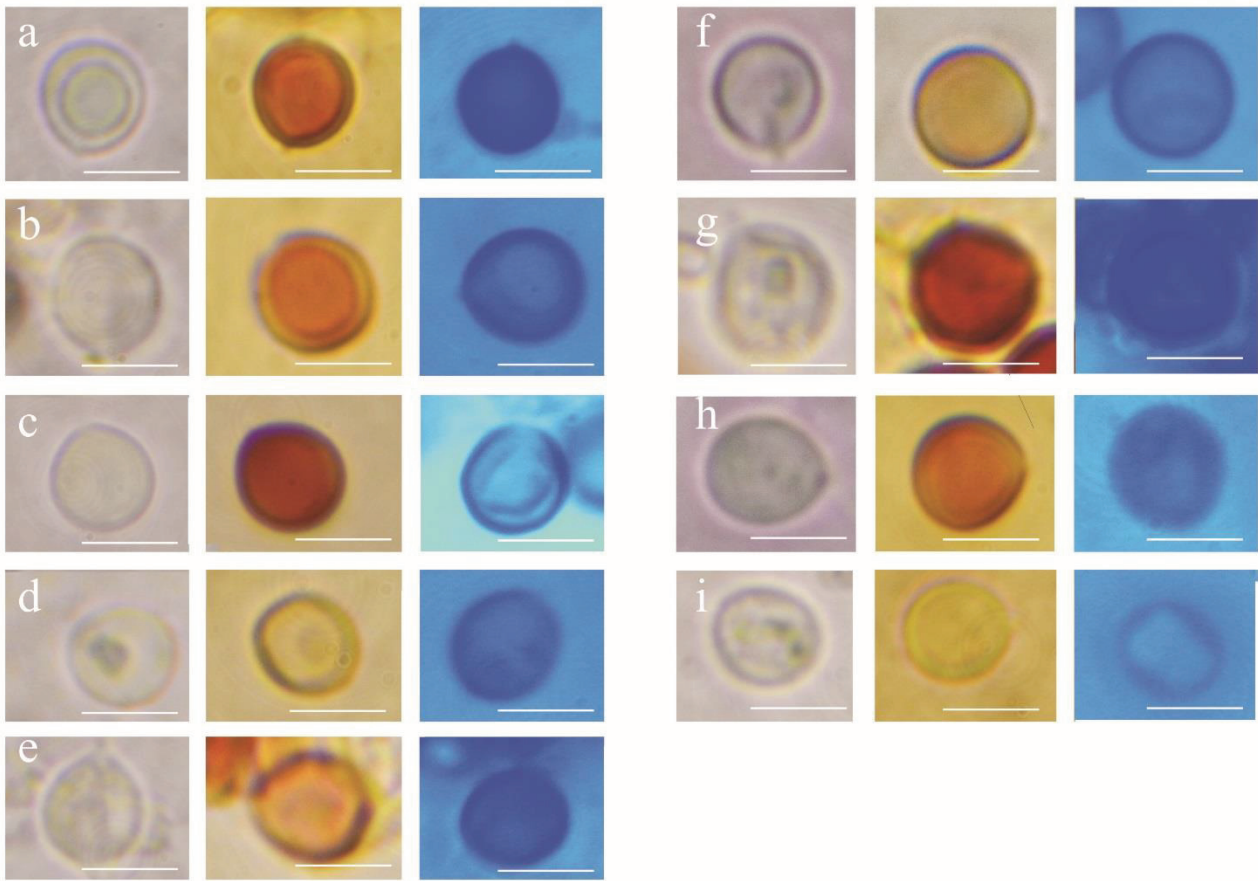


Fig. 6 Cor e reações dos basidiósporos em KOH, reagente de Melzer (dextrinoidia) e reagente azul de algodão (cianofilia), respectivamente. **a** *Fomitiporia* sp. 1. **b** *F. drimyodophila* ad int.; **c** *Fomitiporia* sp. 3; **d** *Fomitiporia subtilissima*, levemente dextrinoide; **e** *Fomitiporia atlantica*, moderadamente dextrinoide; **f** *Fomitiporia* sp. 6; **g** *Fomitiporia* sp. 7; **h** *Fomitiporia* sp. 9; **i** *Fomitiporia* sp. 10, reação ausente a levemente dextrinoide. Escala: 5 μ m.

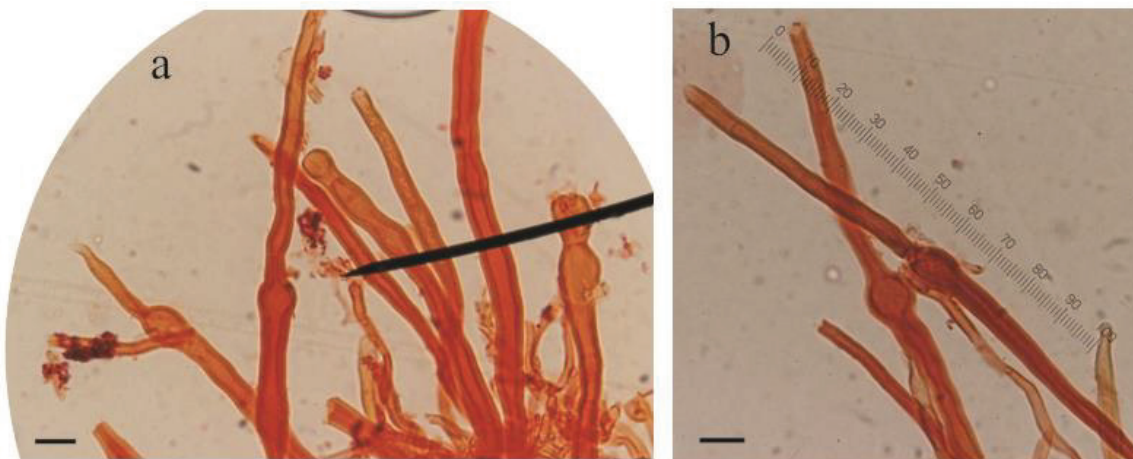


Fig. 7. Separação das hifas do contexto em NaOH 5% do Isótipo de *Fomitiporia apiahyna* (BPI 226926), coloração com vermelho congo. Hifas esqueléticas com inchaços, principalmente, próximo ao ápice. Escala = 10 μ m.

APÊNDICE B

Table I. Comparação morfológica dos espécimes.

N° de coleta/herbário	Área de coleta		Espessura/altura				Basidióporos			Himenóforo				Hospedeiro		
	UC/Cidade	UF/País	largura (mm)		(mm)		Tamanho (µm)		Q	poros/mm		Diam. (µm)	Diss. (µm)			
			"-"	ma	"-"	ma	"-"	ma	"-"	"-"	ma	ma	ma			
Holótipo de <i>Fomitiporia apiahyna</i>																
LPS 24922	Apiaí	SP	30–50 [#]	40 [#]	§	§	5–6,5	(–7) × (4,5–)	5–6 [#]	5,9 × 5,1 [#]	1–1,3 [#]	(5–)6–7(–8) [#]	6,6 [#]	168,75 [#]	59,6 [#]	§
<i>Fomitiporia apiahyna sensu Amalfi & Decock 2013</i>																
FLOR 58550	APP Córrego	MT	14–61	41,7	12–22	16,5	(4,5–)	5 (–5,5) × 4–5	5,0 × 4,5	1–1,3	(6–) 7–8 (–9)	7,48	116,50	46,5	AMP	
FLOR 58546*	APP Córrego	MT	32–58	45,3	12,8–25	19,6		4–5 × 4–5	4,8 × 4,4	1–1,25	6–8	7,15	122,00	51,5	AMP	
FLOR 58549*	PE Cristalino	MT	51,0	51,0	27,0	27,0		4,5–5 × 4–4,5	4,7 × 4,2	1,1	(6–) 7–8	7,28	128,24	50,6	TMC	
FLOR 58563*	APP Córrego	MT	32,5	32,5	10,0	10,0		4,5–5 × 4,5–5	4,9 × 4,8	1–1,1	(5–) 6–8	6,75	§	§	TMC	
FLOR 58584	PNCG	MT	29– 58,5	42,8	17,5–62	34,7		4–5 × 4–5	4,6 × 4,2	1–1,3	6–8	7,03	117,75	67,0	TMC	
FLOR 58582	PNCG	MT	85,0	85,0	26,0	26,0		5–5,4(–6) × 4–5	5,1 × 4,3	1–1,3	6–8(–9)	7,10	117,75	57,3	TMC	
FLOR 58585	PNCG	MT	67–89	78,0	28–37,5	32,8		4,5–5 × 4–4,5	4,8 × 4,2	§	6–7	6,52	108,79	74,8	TMC	
FLOR 58575	PNCG	MT	17,5– 72	43,5	13–30	21,3		4,5–5(–5,5) × 4–5(–5,5)	4,3 × 4,4	1–1,25	6–8	7,19	111,85	67,3	TMC	
FLOR 58578	PNCG	MT	112,0	112,0	40,0	40,0		5 × (4–)5	5 × 4,1	1–1,43	6–8	7,05	108,00	47,8	TMC	
FLOR 58588	APP Córrego	MT	38,5– 47	44,2	16–36	26,3		§	§	§	6–8	7,10	113,00	63,3	TMC	
FLOR 58547*	APP Córrego	MT	32–122	71,5	34–76	49,7		(4–) 4,5–5 × 4–5	4,9 × 4,3	1–1,25	5–8 (–9)	6,23	103,50	63,5	AMP	
FLOR 48516	Quincemil	Peru	85,0	85,0	42,5	42,5		(4,5–)5–5,5 × (4–)4,5–5	5 × 4,8	1–1,2	6–7(–8)	6,59	113,64	70,4	AV	
FURB47595*	PNMSFA	SC	46,0	46,0	17,0	17,0		(4,5–)5–5,5 × (4–)4,5–5	5 × 4,3	1,1–1,25	6–9	8,03	108,00	55,5	AV	
<i>Fomitiporia sp. 2</i>																
FLOR 57854*	PNSJ	SC	105,0	105,0	99,0	99,0		(5–) 5,5–6 (–7) × 5–6	6,0 × 5,4	1–1,2	6–9	7,27	116,00	63,7	AMP	
FLOR 57853*	PNSJ	SC	66–97	81,5	38–43	40,5		(5–) 5,2–7 × 5–6,5	6,2 × 5,5	1–1,25 (– 1,3)	7–9	7,73	125,50	53,0	<i>Drimys angustifolia</i>	
FLOR 57851*	PNSJ	SC	31–84	63,0	21–59	36,3		5–6 (–7) × 5–6	5,9 × 5,4	1–1,2	§	§	§	§	<i>Drimys angustifolia</i>	

Table I. (continua)

Nº de coleta/herbário	Área de coleta		Basidióporos												Hospedeiro
			Largura (mm)		Espessura/altura (mm)		Tamanho (µm)		Q	Poros/mm		Diam. (µm)	Diss. (µm)		
	UC/Cidade	UF/País	"-"	ma	"-"	ma	"-"	ma	"-"	"-"	ma	ma	ma		
<i>Fomitiporia</i> sp. 6															
FLOR 58555*	PETAR	SP	57,0	57,0	17,0	17,0	(4-) 5-6 × 4,5-5 (-6)	5,5 × 4,9	1-1,3	6-8	6,95	130,50	62,3	AMP	
<i>Fomitiporia</i> sp. 4															
FURB 47437*	PNMSFA	SC	35,0	35,0	13,5	13,5	§	§	§	6-8	6,79	§	§	AMP	
FURB 47557*	PNMSFA	SC	38,8	38,8	23,0	23,0	4-5 × 4 (-4,5)	4,5 × 4,0	1-1,3	(4-) 4,5-9	7,23	106,58	45,8	RMAV	
Holótipo de <i>Phellinus elegans</i>															
BAFC 24382	PN Iguazu	Argentina	50 [#]	50 [#]	§	§	5-6 × 5-6 [#]	5,7 × 5,1 [#]	1-1,2 [#]	7-8 [#]	§	§	§	<i>Ocotea</i> sp.	
<i>Fomitiporia</i> sp. 7															
FURB 44484*	PNMSFA	SC	22-72	39,7	11-12	15,0	(5-) 6-7 × 5-6	6,3 × 5,5	1-1,2	(6-) 7-9 (-10)	7,78	85,50	57,5	AMP	
FLOR 58556*	PNSI	SC	30,0	30,0	21,0	21,0	5-7 × 5-6	6,2 × 5,7	1-1,2	6-9 (-10)	7,57	100,50	68,3	AMP	
FLOR 58570	Tubarão	SC	18-40	29,0	12-19	15,5	(5-) 6-7 × 5-6	6,3 × 5,3	1-1,4	6-8	6,95	106,50	62,0	§	
FLOR 11767	Ilhota	SC	45-50,5	47,8	18-20	19,0	5-7 × 5-6,5	6,1 × 5,6	1-1,2	(6-) 7-9	7,59	§	§	AV	
FLOR 10616	M. da Lagoa	SC	24-29	26,5	8-12	10,0	§	§	§	6-9(-11)	7,71	§	§	TMC	
FLOR 51132*	UCAD	SC	27,0	27,0	12,0	12,0	6-7(-7,5) × 5-7	6,5 × 6	1-1,2	(6-) 7-9(-10)	7,84	96,11	63,3	§	
<i>Fomitiporia</i> sp. 9															
FLOR 58557*	PNCG	MT	41-73	57,3	25-29	26,8	5-6 × 5-6	5,3 × 5,0	1-1,2	(6-) 8-9 (-10)	8,52	98,75	43,0	TM	
<i>Fomitiporia</i> sp. 10															
FLOR 58558*	PN Anavilhanas	AM	4-13	8,4	2-8	4,6	4-4,5 × 4-4,5	4,2 × 4,1	1-1,13	8-12	10,23	84,00	51,4	<i>Protium heptaphyllum</i>	
<i>Fomitiporia baccharidis</i>															
§	§	Equador	60*	§	40*	§	5-6,5(-7) × (4-) 5-6*	5,9 × 5,3*	§	8-10*	§	88*	37*	<i>Baccharis</i> sp.	
<i>Fomitiporia texana</i>															
BPI 892681	Colorado	USA	§	§	§	§	(7-) 7,5-8 × (6,5-) 7 (-7,5)	7,8 × 7,0	1-1,2	3-5	3,6	§	§	<i>J. monosperma</i>	
Isótipo de <i>Fomitiporia castilloi</i>															
NY 01840468	Regina	Gui. Franc.	35-65	§	35-40	§	(5,5-) 6-6,5(-7) × (4,5-) 5-5,5	6,2 × 5,2	1,1-1,25	7-8	§	91,5	§	AV	

Table I. (continua)

N° de coleta/herbário	Área de coleta		Largura (mm)		Espessura/altura (mm)		Basidióporos			Himenóforo				Hospedeiro
							Tamanho (µm)		Q	Poros/mm		Diam. (µm)	Diss. (µm)	
	UC/Cidade	UF/País	"-"	ma	"-"	ma	"-"	ma	"-"	ma	ma	ma		
Isótipo de <i>Fomitiporia cupressicola</i>														
NY 01293296	§	México	60–120	§	60–90	§	(6,5–)7–7,5(–8) × (6–)6,5–7(–7,5)	7,0 × 6,6	1–1,18	(4–)5–6	§	169	53	<i>Cupressus arizonica</i>
<i>Fomitiporia tabaquilio</i>														
§	§	Argentina	200*	§	50*	§	6–7,5 × (4,5–) 5–6,5*	§	§	4–6*	§	§	§	<i>Polylepis australis</i>

UC: Unidade de conservação; UF: Unidade Federativa; "-": amplitude; ma: média aritmética; *: dados obtidos através de artigos e/ou protocolos; #: dados obtidos através do pesquisador RL Robledo; §: sem informação; AMP: árvore morta em pé; TMC: tronco morto caído; AV: árvore viva; TM: tronco morto.

APÊNDICE C

Tabela II. Locais e datas de coletas.

Coletor	Dia	Mês	Ano	País	UF	Cidade	UC/Área	Bioma	Fitofisionomia/Vegetação
Alves-Silva, G.	15	Set	2015	Brasil	SC	Florianópolis	Morro da Lagoa da Conceição	Mata Atlântica	Floresta secundária de encosta
D. H. Costa-Rezende	7	Abr	2015	Brasil	MT	Cuiabá	PN de Chapada dos Guimarães (PNCG)	Cerrado	Mata de Vale
D. H. Costa-Rezende	7	Abr	2015	Brasil	MT	Cuiabá	PN de Chapada dos Guimarães (PNCG)	Cerrado	Mata de Vale
Alves-Silva, G.	8	Fev	2015	Brasil	MT	Cuiabá	PN de Chapada dos Guimarães (PNCG)	Cerrado	Mata de Vale
D. Batistella	11	Mar	2015	Brasil	MT	Novo Mundo	PE Cristalino	Amazônia	-
F. Bittencourt	28	Jul	2015	Brasil	SC	Blumenau	PMN São Francisco de Assis	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Submontana
F. Bittencourt	13	Mai	2015	Brasil	SC	Blumenau	PMN São Francisco de Assis	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Submontana
F. Bittencourt	15	Set	2015	Brasil	SC	Blumenau	PMN São Francisco de Assis	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Submontana
F. Bittencourt	15	Set	2015	Brasil	SC	Blumenau	PMN São Francisco de Assis	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Submontana
Alves-Silva, G.	10	Fev	2014	Brasil	MT	Primavera do Leste	APP Córrego Alminhas	Cerrado	Mata de Galeria
L. Pereira-Silva	12	Jan	2014	Brasil	MT	Cuiabá	PN de Chapada dos Guimarães (PNCG)	Cerrado	Mata de Vale
L. Pereira-Silva	12	Jan	2014	Brasil	MT	Cuiabá	PN de Chapada dos Guimarães (PNCG)	Cerrado	Mata de Vale
Alves-Silva, G.	21	Nov	2014	Brasil	SC	Blumenau	PN de Itajaí (PNSI)	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Submontana
E.R. Drechsler-Santos	4	Mar	2014	Brasil	SC	Urubici	PN de São Joaquim (PNSJ)	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	4	Dez	2014	Brasil	SC	Urubici	PN de São Joaquim (PNSJ)	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	5	Ago	2014	Brasil	SC	São Francisco do Sul	Parque Estadual do Acaraí	Mata Atlântica	Restinga arbórea
Alves-Silva, G.	22	Dez	2014	Brasil	SC	Concórdia	PE Fritz Plaumann (PEFP)	Mata Atlântica	Floresta Estacional Decidual
Alves-Silva, G.	13	Dez	2014	Brasil	SP	Apiáí	PET do Alto Ribeira (PETAR)	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Montana
Alves-Silva, G.	21	Nov	2014	Brasil	SC	Blumenau	PMN São Francisco de Assis	Mata Atlântica	FOD Submontana

Tabela II. (continua)

Coletor	Dia	Mês	Ano	País	UF	Cidade	UC/Área	Bioma	Fitofisionomia/Vegetação
F. Bittencourt	14	Ago	2014	Brasil	SC	Blumenau	PMN São Francisco de Assis	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa Submontana
Alves-Silva, G.	26	Nov	2014	Brasil	SC	Bom Jardim da Serra	PNSJ	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	30	Out	2014	Brasil	SC	Urubici	PNSJ	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	31	Out	2014	Brasil	SC	Bom Jardim da Serra	PNSJ	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	21	Jun	2014	Brasil	SC	Urubici	PNSJ	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	20	Jun	2014	Brasil	SC	Urubici	PNSJ	Mata Atlântica	Mata Nebular
Alves-Silva, G.	22	Dez	2013	Brasil	MT	Primavera do Leste	APP Córrego Alminhas	Cerrado	Mata de Galeria
Alves-Silva, G.	12	Nov	2013	Brasil	MT	Primavera do Leste	APP Córrego Alminhas	Cerrado	Mata de Galeria
E.R. Drechsler-Santos	6	Dez	2013	Brasil	AM	Novo Airão	PN Anavilhanas	Amazônia	-
Alves-Silva, G.	18	Ago	2013	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
Alves-Silva, G.	1	Mai	2013	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
Alves-Silva, G.	7	Jan	2013	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
E.R. Drechsler-Santos	15	Nov	2013	Brasil	SC	Santo Amaro da Imperatriz	-	Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa
A.G.S. Silva-Filho	2	Fev	2013	Brasil	SC	Tubarão	-	Mata Atlântica	-
Alves-Silva, G.	5	Ago	2012	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
V. Ferreira-Lopes	12	Jun	2011	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
D. H. Costa-Rezende	11	Set	2011	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
E. R. Drechsler-Santos	20	Dez	2011	Brasil	SC	Concórdia	PE Fritz Plaumann (PEFP)	Mata Atlântica	Floresta Estacional Decidual
Alves-Silva, G.	21	Ago	2011	Brasil	MT	Cuiabá	PNCG	Cerrado	Mata de Vale
C. Salvador-Montoya	20	Mar	2010	Peru	-	Quincemil	-	Amazônia	-

APÊNDICE D

Tabela III. Materiais tipo analisados

Tipo	Táxon	Nº de acesso	País da coleta	Basidioma
Isótipo	<i>Fomes apiahynus</i>	BPI 226926	Brasil	pileado
Tipo	<i>Fomitiporia langloisii</i>	NY 00776501	EUA	ressupinado
Tipo	<i>Fomitiporia earleae</i>	NY 00776484	EUA	ressupinado
Tipo	<i>Fomitiporia dryophila</i>	NY 00776475	EUA	efuso-reflexo
Tipo	<i>Fomitiporia dryophila</i>	NY 00776482	EUA	efuso-reflexo
Tipo	<i>Fomitiporia maxoni</i>	NY 00776489	Costa Rica	ressupinado
Tipo	<i>Fomitiporia jamaicensis</i>	NY 00776486	Jamaica	ressupinado
Tipo	<i>Fomitiporia lloydii</i>	NY 00776490	EUA	ressupinado
Isótipo	<i>Fomitiporia castilloi</i>	NY 01840468	Guiana Francesa	pileado
Isótipo	<i>Fomitiporia cupressicola</i>	NY 01293296	México	pileado

APÊNDICE E

Tabela IV. Lista de espécimes revisados

Táxon	Herbário e nº de acesso
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58573
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58577
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58575
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58584
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58572
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58580
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58587
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58582
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58578
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58583
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58574
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58585
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58587
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58563*
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58588
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58546*
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58548*
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58547*
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 58549*
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FURB 47595*
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	FLOR 48516
<i>Fomitiporia apiahyna sensu</i> Amalfi & Decock	NY00460650
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 58564
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 58564
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 58571
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 58550*
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 31390
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 11000
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 11100
<i>Fomitiporia</i> sp. 1	FLOR 11209
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57850*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57851*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57852*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57853*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57854*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57855*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57856*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57857*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57858*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 57859*

Tabela IV. (Continua)

Táxon	Herbário e nº de acesso
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58529
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58530
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58532
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58533
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58535
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58536
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58537
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58539
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58540
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58541
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58542
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58543
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58544
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58545*
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58592
<i>Fomitiporia</i> sp. 2	FLOR 58599
<i>Fomitiporia</i> sp. 3	FLOR 58553*
<i>Fomitiporia</i> sp. 4	FURB 47557*
<i>Fomitiporia</i> sp. 4	FURB 47437*
<i>Fomitiporia</i> sp. 5	FLOR 58554*
<i>Fomitiporia</i> sp. 5	FURB 47591*
<i>Fomitiporia</i> sp. 6	FLOR 58555*
<i>Fomitiporia</i> sp. 7	FLOR 58556*
<i>Fomitiporia</i> sp. 7	FURB 44484*
<i>Fomitiporia</i> sp. 7	FLOR 10616
<i>Fomitiporia</i> sp. 7	FLOR 11767
<i>Fomitiporia</i> sp. 7	FLOR 58570
<i>Fomitiporia</i> sp. 9	FLOR 58557*
<i>Fomitiporia</i> sp. 10	FLOR 58558*

* Espécimes presentes na filogenia.

**CAPÍTULO I –Phylogenetic relationships in the
Fomitiporia apiahyna complex (Hymenochaetales,
Basidiomycota) based on morphology and a multi-gene
molecular approach: *Fomitiporia drimydochila* ad int. sp.
nov.**

(A ser submetido para publicação em periódico ainda a ser
definido)

**Phylogenetic relationships in the *Fomitiporia apiahyna* complex (Hymenochaetales, Basidiomycota) based on morphology and a multi-gene molecular approach:
Fomitiporia drimydophila ad int. sp. nov.**

Genivaldo Alves da Silva

Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Universitário Trindade, CEP: 88040-900, Florianópolis, Santa Catarina, Brazil.

Mateus Arduvino Reck

Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Universitário Trindade, CEP: 88040-900, Florianópolis, Santa Catarina, Brazil.

Aristóteles Góes-Neto

Laboratório de Pesquisa em Microbiologia (LAPEM), Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, Avenida Transnordestina, Feira de Santana, CEP: 44036-900, Bahia, Brazil.

Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos

Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Universitário Trindade, CEP: 88040-900, Florianópolis, Santa Catarina, Brazil.

Keywords: abordagem multi-gene, Neotropical fungi, new species, polypores, phylogeny, taxonomy.

Corresponding author: genivaldobio@gmail.com

Abstract

Historically *Fomitiporia* has been presented species complexes with morphological characterization is, in most of cases, hard to discriminate inter-lineages. It is the case of *Fomitiporia apiahyna* complex which potentially presents many cryptic species. In the context of taxonomic studies on *F. apiahyna* complex, morphological and molecular (nrITS, nrLSU, *tefl- α* and *rpb2*) analyses were conducted in order to understand the phylogenetic and taxonomic position of some specimens collected specifically on *Drimys angustifolia*. This probably host-specific parasitism relationship was found occurring in the Atlantic Cloud forests of altitudinal area in the southern Brazil. Other Brazilian collections from Cerrado, Amazonia and Southern Atlantic forest were morphological compared. At least seven lineages within the *F. apiahyna* complex were recovered and confirmed in our Bayesian and Maximum Likelihood inferences. One of them, *Fomitiporia drimydoiphila* ad int. sp. nov. is described and discussed in the context of its host specialization, potential range distribution in the Atlantic cloud forests of southern Brazil and its phylogenetic relationships in the complex-species of *Fomitiporia apiahyna* s.l.

INTRODUCTION

The genus *Fomitiporia* (Hymenochaetales, Basidiomycota) comprises species with pileate or resupinate basidiomata, dimitic hyphal system, dextrinoid basidiospores and hymenial setae (Decock et al. 2007). Historically, *Fomitiporia* comprises taxonomic species complexes, mainly. Some species present wide morphological variation of poor discriminative morphological features (Amalfi and Decock 2013; Decock et al. 2007; Fischer 2002; Fischer and Binder 2004; Vlasák and Kout 2011). This is the case of *Fomitiporia apiahyna* complex. *Fomes apiahynus* Speg. was described from one specimen collected in the Atlantic forest domain of southeast Brazil, Apiaí / São Paulo state (Spegazzini 1887), then it was combined as *Fomitiporia apiahyna* (Speg.) Robledo, Decock & Rajchenb., mainly by its globose and dextrinoid basidiospores (Amalfi et al. 2010). *Fomitiporia apiahyna* occurrence records have happened also to southern Florida and southern Mexico (Vlasák et al. 2011; Raymundo et al. 2012) down to northeastern Argentina and southern Brazil (Loguercio-Leite et al. 2008; Wright and Blumenfeld 1984; Rajchenberg and Wright 1987). However, Amalfi & Decock (2013)

recommended that this wide-ranging distribution should be considered as *F. apiahyna sensu lato*.

Amalfi & Decock (2013) performed a phylogenetic study with collections from Ecuador, French Guiana, Guadalupe, British Guiana and Mexico. In their study, after supported by Amalfi et al. (2014), has been possible to observe five distinct lineages (named by them, as PS) within *F. apiahyna* clade, referred by authors as *sensu lato*. Furthermore, Amalfi & Decock (2013) suggested that some collections from Ecuador and French Guiana were morphologically related to the holotype of *F. apiahyna*, a clade proposed as *F. apiahyna sensu Amalfi & Decock*.

In order to understand the specimens related to the *Fomitiporia apiahyna* complex, we analyzed morphological data, ecological data and DNA sequences (nrLSU, nrITS, *tef1- α* and *rpb2*). We found three distinct lineages which match morphologically to the complex. One of them, *Fomitiporia drimyodophila* ad int. sp. nov., from Atlantic Cloud forest of southern Brazil, growing on living angiosperm *Drimys angustifolia* Miers is described here.

MATERIAL AND METHODS

Study areas — Specimens were collected in the Santa Catarina state. Atlantic cloud forests, on southeasterern the border of Serra Geral, Parque Nacional de São Joaquim (Santa Barbara: 28°09'18.1"S 49°38'24.1"W and near to Morro da Igreja: 28°07'13.5"S 49°29'31.2"W, about 1,500–1,720 *m.a.s.l.*). Atlantic decidual seasonal forest, Uruguay river, Parque Estadual Fritz Plaumann (27°17'58.21"S 52°08'09.39"W). Secondary Atlantic slope forest, Morro da Lagoa da Conceição, Florianópolis (27°35'09.2"S 48°28'36.7"W). Atlantic Ombrophilous Dense forest, Santo Amaro da Imperatriz.

Morphological description — Basidiomata colors are described according to Kornerup and Wanscher (1981). Manual sections of the basidiomata were examined in Melzer's reagent, to check dextrinoidity or amyloidity; Cotton Blue (CB) in lactic acid (Kirk et al. 2008), to check for cyanophily; neutral lactophenol to observe the natural color of the structures; KOH 3%, to check the xanthocroic reaction; and Phloxine 1% plus KOH 3% (Largent et al. 1977; Ryvardeen 1991). All microscopic measurements (n = 40) were made in Melzer's reagent. The size of microscopic elements is given as values (or

an interval) followed by 5% variation in parentheses, when pertinent. In the text, the following abbreviations were used: ave. = average, diam. = diameter, Q = the range of the ratio length/width, Q_m = the mean of the ratio length/width from basidiospores measurements. Herbarium acronyms followed Thiers (2016).

DNA extraction, PCR amplification and Sequencing — Dried basidiomata were used for the DNA extraction, which was carried out according to Góes-Neto et al. (2005). The primer pairs ITS8F-ITS6R (Dentinger et al. 2010) and LR0R-LR7 (Vilgalys & Hester 1990) were used to amplify the 5' end of the nrITS (ITS1-5.8S-ITS2) and nrLSU (28S) respectively. For *tefl-α* a fragment between exons 4 and 8 (Wendland and Kothe 1997) was amplified with the primer pair 983F and 2212R (Rehner and Buckley 2005) and the region sited among domains 5, 6 and 7 of *rpb2*, primers fRPB2-5F and bRPB2-7.1R (Frøslev et al. 2005, Matheny 2005). *Sequencing*: all PCR products were purified with PEG 20% [Poly(ethylene glycol) 8,000 plus NaCl 2.5M], and sequencing reactions of PCR products were prepared with addition of a mix composed by 1 μL BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), 1 μL 5x Buffer, 1 μL primer, 5 μL H₂O q.s.p., to 2 μL of the amplification product.

Primers LR0R and LR5 for LSU; ITS6F and ITS8R for ITS; 983F, 1567R, 1577F and 2212R for *tefl- α* and fRPB2-5F and bRPB2-7.1R (bRPB2-6F in some samples) for *rpb2* were used for sequencing (Vilgalys Laboratory 2014). Sequencing reaction and sequencing were performed at the Centro de Pesquisas René Rachou from FIOCRUZ (Belo Horizonte, Brazil) as part of the FungiBrBol (www.brbol.org).

Phylogenetic analysis — A total of 151 specimens representing 52 (51 ingroup) species or potential species/clades were included in the phylogenetic analyses. All *Fomiporia* sequences are available in GenBank® mainly from Amalfi and Decock (2013). The nrITS and *tefl- α* sequences from two *F. drimytophila* ad int. collections (FLOR 57854 and FLOR 57856, respectively) and from other species according to TABLE I, they could not be obtained and were considered missing data in the combined dataset. We designated *Phellinus uncisetus* Robledo, Urcelay & Rajchenb. as outgroup, based on previous studies (Amalfi et al. 2010, 2012, 2014; Amalfi and Decock 2013). All materials and sequences used in this study are listed in TABLE I.

Sequences were assembled and manually corrected with Geneious v. 6.1.8 (Kearse et al. 2012), then automatically aligned with Mafft v.7 (Katoh & Standley 2013) under the Q-

INS-I strategy for ITS and G-INS-i strategy for the remainder. The alignment was manually adjusted when necessary. For protein coding gene sequences, the assignment of codon positions was confirmed by translating nucleotide sequences into predicted amino acid sequences with MEGA v. 6.0 (Tamura et al. 2013). Potential ambiguously aligned segments to ITS1-5.8S-ITS2 were detected by Gblocks 0.91b (Castresana 2000), through block parameters MINIMUM NUMBER OF SEQUENCES FOR A CONSERVED POSITIONS was 80 (53%), MINIMUM NUMBER OF SEQUENCES FOR A FLANK POSITIONS was 83 (55%), MAXIMUM NUMBER OF CONTIGUOUS NONCONSERVED POSITIONS was 8, MINIMUM LENGTH OF A BLOCK was 2, ALLOWED GAP POSITION was with half. The dataset was subdivided into 11 data partitions: ITS1, 5.8S, ITS2, nrLSU, tef1-1st, -2nd, -3rd codon positions, tef1 introns and rpb2-1st, -2nd, -3rd codon positions (TABLE II). The three introns present in tef1 were cut out and analyzed as a distinct partition. The alignment was deposited at TreeBASE (<http://www.treebase.org/treebase/index.html>), under access number SD18707.

Bayesian analysis (BI) was performed in the program Mr. Bayes v. 3.2.6 (Ronquist et al. 2012), and evolutionary models for BI were estimated using the AIC (Akaike

Information Criterion) for each partition, as implemented in jModelTest2 v.1.6 (Darriba et al. 2012; Guindon & Gascuel 2003) both programs available in the CIPRES science gateway (Miller et al. 2011). The best-fit models for each partition were implemented as partition specific models within partitioned mixed-model analyses of the combined dataset (TABLE II). We set to two independent runs, each one starting from random trees, with four simultaneous independent chains and performed 10,000,000 generations, keeping one tree every 1000th generation. The 25% of the sampled trees was discarded as burn-in, checked by the convergence criterion (frequencies of average standard deviation of split <0.01) in Tracer v.1.6 (Rambaut et al. 2014), while the remaining ones were used to reconstruct a 50% majority-rule *consensus* tree and to estimate Bayesian posterior probabilities (BPP) of the branches. A BPP value above 0.99 was considered significant.

Maximum likelihood (ML) analysis was carried out in RAxML v.8.1.11 (Stamatakis 2014), available in the CIPRES science gateway (Miller et al. 2011). The analysis first involved 100 ML searches, each one starting from one randomized stepwise addition parsimony tree, under a GTRGAMMAI model, with all parameters estimated by the software. We provided a partition file to force RAxML

software to search for a separate evolution model for each dataset. To access the reliability of the nodes, rapid bootstrapping replicates under the same model are computed, allowing the program halts bootstrapping automatically by the autoMRE option. Bootstrap (BS) values above 90 were considered significant (high support) and above 70 were considered moderate support.

RESULTS

Molecular phylogenetic analyses — During this study we generated 111 new sequences. The combined dataset (nrITS+nrLSU+*tefl*- α +rpb2) resulted in an aligned matrix of 3,649 bp long (including gaps); all pertinent information about the 11 partitions was summarized in the TABLE II. Of 3,649 total characters, 2,317 characters were constant, 228 variable characters were parsimony-uninformative and 1,104 were parsimony-informative characters. In Bayesian inference, average standard deviation of split frequencies stabilized (aprox. 0.005) after 7,716,000 generations and average PSRF for parameter values stay = 1.0, showing that the independent runs converged. Only the topology from ML analysis is exhibited while both BS ML and BPP values are showed on the

branches (FIG. 1). The bootstopping criteria of RAxML indicated 204 pseudoreplications as sufficient to access the internal branch support.

The recovered overall topologies were very similar to those presented by Amalfi and Decock (2013) and Amalfi et al. (2014), showing a Neotropical lineage, in which is included the *Fomitiporia apiahyna* lineage (i.g., *F. apiahyna s.l.*) and *F. apiahyna sensu* Amalfi and Decock clade. Our specimens named *Fomitiporia* sp. 1, *F. drimydochila* ad int. and *Fomitiporia* sp. 3 sorted in *F. apiahyna s.l.* clade, which comprises also others four undescribed PS from distinct collect areas (e.g., Guadalupe, Ecuador, French Guiana).

Fomitiporia sp. 1 forms, together with *Fomitiporia* sp. PS1 a clade (BS = 99, BPP = 1), which is the most closely related to *Fomitiporia sensu* Amalfi & Decock lineage (BS = 98, BPP = 1). *Fomitiporia* sp. 3 clustered together to *F. drimydochila* ad int. (BS = 98, BPP = 1), forming a sister clade of *Fomitiporia* sp. PS4. Finally the specimens from central and southern Brazil were shown to be conspecific to *F. apiahyna sensu* Amalfi and Decock.

The specimens of *F. drimydochila* ad int. formed a strong supported lineage (BS = 96, BPP = 1). Given the results of the phylogenetic analyses that identify these specimens as a

PS, and the morphological data that define a unique morphotype, it is considered as representing a distinct undescribed species. Therefore, it is proposed below as new.

TAXONOMY

Fomitiporia drimytophila ad int. **sp. nov.** Alves-Silva, Reck & Drechsler-Santos **Figs. 2A-C**

HOLOTYPE: BRAZIL, SANTA CATARINA STATE: Urubici, Parque Nacional de São Joaquim, 28°07'13.5"S 49°29'31.2"W, approx. 1,700 *m.a.s.l.*, growing on living *Drimys angustifolia*, 31 Oct 2014, *G. Alves-Silva* 630 (FLOR 57850, Isotype at SP and NY).

Etymology: *Drimys* = genus of Winteraceae- + *phila* (from the greek) = closely related, “friend”, means *Fomitiporia* which is associated to *D. angustifolia*.

Basidiomata perennial, pileate; sessile to rare broadly attached, single; semicircular, unguulate, triquetrous, obtriquetrous to bell shaped, occasionally with a basal umbo, projecting 20–145

mm, 25–190 mm wide and 21–201 mm thick at the base, woody consistency; *pileus* glabrous, concentrically zonate with multiple broad bands, sulcate, cracked mainly when old or dried, light brown [6 D(5–8)] to brown [6 E(5–8)] becoming dark brown [6 F(5–8)] to black from the base; *margin* rounded, folded, but incomplete deposit, thick, sterile, pale yellow to light yellow [4 A(3–5)] in young specimens, golden yellow (5B7) to brownish yellow [5 C(7–8)] or yellowish brown [5 D(6–8)]; *pore surface* greyish brown, brownish beige (6E3) to cinnamon when older; *pores* rounded to angular, (5–) 6–8 (–9)/mm, (90–) 100–150 (–170) μm diam. (ave = 120 μm); *dissepiments* entire, (30–) 50–110 (–130) μm (ave = 60 μm) thick; *tubes* distinctly stratified, with up to 22 distinct layers, individual layers up to 6 mm tall, with thin context among layers, on drying are disjoined, light brown to brown [6 DE (6–8)], but youngest (active) layer greyish brown (6E4) to cinnamon, oldest layers filled with whitish mycelium; *context* simple, zonate, up to 12 mm thick, with dense texture and woody consistency, golden to brownish yellow [5 BC (7–8)], with a thin black line on the surface.

Hyphal system dimitic in all parts; *generative hyphae* simple-septate, hyaline to pale yellow, sparingly branched, 2.0–3.0 μm

diam; *skeletal hyphae* golden brown to reddish brown, unbranched, thick-walled, occasionally with local swellings, 3.0–6.0 μm diam, the lumen 1.5–4.0 μm wide in the context, 3.0–4.0 μm diam, the lumen 1.0–2.0 μm wide in the hymenophoral trama.

Hymenium: *hymenial setae* absent, other sterile elements present, hyaline, clavate, thin-walled, *basidia* subglobose to globose, hyaline, tetrasporic, 8–10.1 (–11) \times (7–) 7.5–9.1 (–10) μm , (ave = 9.4 \times 8.6 μm), Q = 1–1.25 (–1.33) μm , (Qm = 1.1 μm); *basidiospores* subglobose to globose, 5.0–6.0(–7.0) \times (4.0–)5.0–6.0(–6.5) μm , (ave = 5.9 \times 5.4 μm), Q = 1.0–1.25(–1.3) μm , (Qm = 1.09 μm), hyaline, strongly dextrinoid and cyanophilous, thick-walled, smooth; *crystals* rhomboid, of variable size.

Type of rot: a white rot.

Ecology (host and habitat): Growing on living and dead stems of *Drimys angustifolia*, among mosses, in altitudinal Cloud forests (1,500–1,720 *m.a.s.l.*), belonging to the Subtropical Upper Montane forests in southern Brazil phytogeographic region.

Distribution: The species is currently known from Atlantic Cloud Forests of the Serra Geral, Santa Catarina state, Brazil.

Specimens examined: BRAZIL, SANTA CATARINA STATE: Urubici, Parque Nacional de São Joaquim, Santa Barbara, RAPELD module I, 28°09'18.1"S 49°38'24.1"W, about 1,500 *m.a.s.l.*, on living *Drimys angustifolia*, 4 Mar 2014, *E.R. Drechsler-Santos* 1336 (FLOR 57853); *ibid.*, 21 Jun 2014, *G. Alves-Silva* 608 (FLOR 57851); *ibid.*, 04 Dez 2014, *G. Alves-Silva* 659 (FLOR 57852); *ibid.*, on dead standing trunk, 24 Nov 2011, *R. E. Drechsler-Santos* 634 (FLOR 58599); *ibid.*, on dead standing trunk, 20 Oct 2013, *C. Salvador-Montoya* 549 (FLOR 58532); *ibid.*, on dead standing trunk, 20 Jun 2014, *G. Alves-Silva* 591 (FLOR 58535); *ibid.*, on dead standing trunk, 20 Jun 2014, *G. Alves-Silva* 597 (FLOR 58536); *ibid.*, on dead standing trunk, 4 Dec 2014, *G. Alves-Silva* 660 (FLOR 58533); *ibid.*, on dead standing trunk, 4 Dec 2014, *M.A. Reck* 933 (FLOR 58529); *ibid.*, near to RAPELD module II, 28°07'13.5"S 49°29'31.2"W, approx. 1,720 *m.a.s.l.*, on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 31 Out 2014, *G. Alves-Silva* 632 (FLOR 57854); *ibid.*, on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 31 Out 2014, *G. Alves-Silva* 629 (FLOR 58543);

ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 31 Oct 2014, *G. Alves-Silva* 631 (FLOR 58541); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 647 (FLOR 57855); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 649 (FLOR 57856); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 650 (FLOR 57857); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 651 (FLOR 57858); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 652 (FLOR 58544); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 654 (FLOR 58542); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 655 (FLOR 57859); ibid., on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 656 (FLOR 58540); ibid., near to Morro da Igreja, on dead standing trunk of *D. angustifolia*, 26 Nov 2014, *G. Alves-Silva* 648 (FLOR 58545); ibid., on dead standing trunk, 20 Oct 2013, *C. Salvador-Montoya* 544 (FLOR 58530); ibid., on dead standing trunk, 20 Oct 2013, *C. Salvador-Montoya* 546 (FLOR 58539); ibid., on dead standing trunk, 20 Oct 2013, *C. Salvador-Montoya* 547 (FLOR 58537); ibid., on dead standing trunk, 20 Oct 2013, *C. Salvador-Montoya* 548 (FLOR 58592).

DISCUSSION

Fomitiporia drimydoiphila ad int. is mainly characterized by semicircular, unguulate, triquetrous, obtriquetrous to bell shaped basidiomata, larger basidiomata comprise up to 22 tube layers, up to 201 mm thick pileus and up to 190 mm wide (FIG. 2A), broad bands, sulcate and cracked when old and on drying pileus (FIG. 2B-C). Microscopically, it presents dimitic hyphal system through all basidioma and subglobose to globose basidiospores (ave= $5.9 \times 5.4 \mu\text{m}$). In the molecular phylogenetic analyses, this lineage appears as a strongly-supported clade nested in the *Fomitiporia apiahyna* s.l. The most part of the specimens was collected on living host tree. Macro or micromorphological features are poorly discriminative in the genus, particularly within the *F. apiahyna* complex (Vlasák and Kout 2011; Amalfi and Decock 2013). The main morphological traits distinguishing the new species are macroscopic, as size and shape at basidiomata and sulcus due to growth patterns.

Fomitiporia apiahyna sensu Amalfi & Decock (FIG. 2E) comprises specimens from French Guiana and Ecuador, that are morphologically similar to the holotype from Apiaí-SP, Brazil, LPS 24922 (Amalfi and Decock 2013). However, the

relationship with *F. apiahyna sensu stricto* is an arguable point. According to the reconstructed topologies from the present study, some specimens from Amazonia (FLOR 58549, Mato Grosso state), Cerrado (FLOR 58546, FLOR 58547, FLOR 58548 and FLOR 58563, Mato Grosso state), and from Atlantic forest (FURB 47595, Santa Catarina state) from Brazil are part of the *F. apiahyna sensu* Amalfi & Decock clade. We have the opinion that more collections from type locality, whose morphology is similar to *F. apiahyna sensu* Amalfi & Decock clade specimens and holotype, should be analyzed morphologically and molecularly, to solve the *F. apiahyna s.s* circumscription. Morphological differences presented between the new collections from Brazil and the holotype raise doubts. These Brazilian specimens have slightly sulcus, larger basidiomata and slightly smaller basidiospores than the holotype [$4.3\text{--}5.1 \times 4.1\text{--}4.8 \mu\text{m}$ against $\text{ave} = 5.9 \times 5.1 \mu\text{m}$ (Robledo pers. comm.)]. *Fomitiporia drimytophila* ad int. has larger basidiomata and basidiospores when compared to *F. apiahyna sensu* Amalfi & Decock.

Up to now, *F. apiahyna s.l.* comprises at least seven distinct lineages. About the Brazilian specimens in *F. apiahyna s.l.*, *Fomitiporia* sp. 3 (FLOR 58553, FIG. 2D) was found in Atlantic forest. *Fomitiporia* sp. 3 which appears as sister of *F.*

drimydophila ad int., also has morphological similarities to *F. drimydophila* ad int., but it has smaller basidiomata. One specimen of *Fomitiporia* sp. 1 clade was found growing on living *Matayba guianensis* Aubl. tree (FLOR 58550, in Ombrophilous Dense forest), other specimen was found growing on unidentified dead angiosperm (FLOR 58551, in Seasonal Decidual forest). Particularly, *Fomitiporia* sp. 1 presents basidiomata with lateral growing, depositing new tube layers irregularly (FIG. 2F). The lineage represented by *Fomitiporia* sp. PS4, which specimen is from Mexico without notes about its morphology, is closely related to *F. drimydophila* ad int.

A synonymous of *Fomitiporia apiahyna* is *Phellinus elegans* J.E. Wright & Blumenf., (Rajchenberg and Wright 1987, as *Phellinus apiahynus*). However, based on the literature descriptions and type information, this proposition should be re-evaluated. *Fomitiporia drimydophila* ad int. differs from *P. elegans* by its pileus with broad bands, thicker and larger basidiomata than those of type of *P. elegans*. Moreover the new species has been recurrently found growing on living *Drimys angustifolia*, whilst *P. elegans* was recorded on wood of *Ocotea* sp. (Wright and Blumenfels 1984). *Phellinus elegans* also is different in our opinion from *F.*

apiahyana, which presents broad bands and sulcate black pileus; whereas *P. elegans* has multiples narrow bands and sulcate brown pileus (Robledo pers. comm.). In addition, one of our lineages (*Fomitiporia* sp. 7) has similar morphological features to the type of *P. elegans*. However, it not represent a *F. apiahyana sensu lato* species (FIG. 1), what led us to suppose that its synonymy hypothesis is not correct and the type should be studied in detail for an appropriate taxonomic treatment in the future.

Fomitiporia baccharidis (Pat.) Decock, Robledo & Amalfi (FIG. 2H) and *F. tabaquilio* (Urcelay, Robledo & Rajchenb.) Decock & Robledo form together a small “Andean” lineage (Amalfi et al. 2014). *Fomitiporia baccharidis*, as observed for Amalfi et al. (2014), presents a semicircular, triquetrous to bell shaped pilei, differing by “duplex” context with thin black line and basidiomata generally gregarious, emerging in groups. Also, *F. tabaquilio* differs by having cushion-shaped and pseudopileate basidiomata. *Fomitiporia baccharidis* has been collected mainly on living stems of shrubby trees of *Baccharis oblongifolia* (Ruiz & Pav.) Pers. (Asteraceae), *Lepechinia* sp. (Lamiaceae) and *Polylepis australis* Bitter (Rosaceae), but *F. tabaquilio* on living *Polylepis* spp (Amalfi et al. 2014). Up to now, *F. drimyodophila*

ad int. is known to be restricted to altitudinal (1,500–1,720 *m.a.s.l.*) Cloud forests of Serra Geral, growing specifically on living *Drimys angustifolia*. Cloud forests present a floristic composition very similar to the Araucaria forest, with in the most plant taxa originated from Antarctic Element flora (e.g. *Araucaria* and *Drimys*), in the south-north direction decreased along the Andes (Waechter 1990).

The Neotropical clade of *Fomitiporia* is strong supported, suggesting a single origin for its diversity (Amalfi & Decock 2013). Our study confirms the high undescribed diversity of pileate species in *Fomitiporia*, as suggested by Amalfi et al. (2014), to the previously their four PS also recovered here. We discovered three new lineages, including *F. drimydochila* ad int. Outside *F. apiahyna* lineage; other six lineages are also distinguishable. Morphological, ecological and molecular phylogenetic careful studies should be made in order to clarify the relationships among *F. apiahyna s.l.* cryptic species.

Conservation status of the species

Drimys angustifolia is endemic from Brazil and occurs in the forests of Serra Geral and Serra do Mar, southern Brazil

(Martins-Ramos et al. 2011; Mello-Silva 2012; Scheer & Moco-chinski 2009). *Fomitiporia drimydo-phila* ad int. has potential distribution of following its host. Considering that *D. angustifolia* is found up to now in two regions of the very few fragments of Brazilian Cloud forests, both fungi species and host plant deserve conservative attention. In fact, *Fomitiporia drimydo-phila* ad int. lives in a fragile ecosystem (Bruijn-zeel et al. 2010) and the organisms, the relationships, as well as this kind of particular areas should be preserved.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors thank the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) for providing a master's scholarship to G. Alves-Silva; Fiocruz for performing the molecular sequencing; PPGFAP and BrBOL for partial financing of the research; PPBio/Atlantic forest (Brazilian Biodiversity Research Program), ICMBio, Conserved Units for general support. Mateus A. Reck thanks CAPES (PNPD Institucional 2011—23038.007790/2011-93) for scholarship and funding. Aristóteles Góes-Neto thanks CNPq.

LITERATURE CITED

- AMALFI, M.; DECOCK, C. 2013. *Fomitiporia castilloi* sp. nov. and multiple clades around *F. apiahyna* and *F. texana* in Meso- and South America evidenced by multiloci phylogenetic inferences. *Mycologia* 105(4): 873-887. doi:10.3852/11-423.
- AMALFI, M. YOMBIYENI, P. DECOCK, C. 2010. *Fomitiporia* in sub-Saharan Africa: morphology and multigene phylogenetic analysis support three new species from the Guineo-Congolian rainforest. *Mycologia* 102(6): 1303-1317.
- AMALFI, M.; RAYMUNDO, T.; VALENZUELA, R.; DECOCK, C. 2012. *Fomitiporia cupressicola* sp. nov., a parasite on *Cupressus arizonica*, and additional unnamed clades in the southern USA and northern Mexico, determined by multilocus phylogenetic analyses. *Mycologia* 104(4): 880-893.
- AMALFI, M.; ROBLEDO, G.; DECOCK, C. 2014. *Fomitiporia baccharidis* comb. nov., a little known species from high elevation Andean forests and its affinities within the *Fomitiporia* Neotropical lineages. *Mycological Progress* 13(995): 1075-1087. doi: 10.1007/s11557-014-0995-x.
- BRUIJNZEEL, L. A. et al. Tropical montane cloud forests: state of knowledge and sustainability perspectives in a changing world. In: BRUIJNZEEL, L.A.; SCATENA F.N.; HAMILTON, L.S. (Ed.). *Tropical Montane Cloud Forests. Science for Conservation and Management*. Cambridge: Cambridge University Press, 2010. p. 691-740.
- CASTRESANA, J., 2000. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Mol Bio Evol* 17:540–552, doi:10.1093/oxfordjournals.molbev.a026334 <http://molevol.cmima.csic.es/castresana/Gblocks.html>
- DARRIBA, D.; TABOADA, G.L.; DOALLO, R.; POSADA, D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9:8, 772.
- DECOCK, C.; BITEW, A.; CASTILLO, G. 2005. *Fomitiporia tenuis* and *Fomitiporia aethiopica* (Basidiomycetes, Hymenochaetales),

two undescribed species from the Ethiopian highlands: taxonomy and phylogeny. *Mycologia* 97(1): 121-129.

- DECOCK, C; FIGUEROA, S. H; ROBLEDO, G; CASTILLO, G. 2007. *Fomitiporia punctata* (Basidiomycota, Hymenochaetales) and its presumed taxonomic synonyms in America: taxonomy and phylogeny of some species from tropical/subtropical areas. *Mycologia*, 99(5): 733–752.
- DENTINGER, B.T.M.; MARGARITESCU, S.; MONCALVO, J.M. 2010. Rapid and reliable high-throughput methods of DNA extraction for use in barcoding and molecular systematics of mushrooms. *Molecular Ecology Resources*, 10: 628–633.
- FALKENBERG, D.B. & VOLTOLINI, J.C. 1995. The montane cloud forest in southern Brazil. In *Tropical montane cloud forests* (L.S. Hamilton, J.O. Juvik & F.N. Scatena, eds). Springer Verlag, New York, p. 138-149.
- FISCHER, M. 2002. A new wood-decaying Basidiomycetes species associated with esca of grapevine: *Fomitiporia mediterranea* (Hymenochaetales). *Mycological Progress* 1:315–324.
- FISCHER, M.; BINDER, M. 2004. Species recognition, geographic distribution and host-pathogen relationships: a case study in a group of lignicolous basidiomycetes, *Phellinus s.l.* *Mycontaxon*, 96(4): 799-811.
- FRØSLEV TG, MATHENY PB, HIBBETT DS. 2005. Lower level relationships in the mushroom genus *Cortinarius* (Basidiomycota, Agaricales): a comparison of RPB1, RPB2 and ITS phylogenies. *Mol Phylogenet Evol* 37:602–618. doi:10.1016/j.ympev.2005.06.016
- GILBERTSON RL, RYVARDEN L. 1987. North American Polypores 2. *Megasporoporia-Wrightoporia*. Oslo, Norway: Fungiflora. p 433–885.
- GÓES-NETO, A; LOGUERCIO-LEITE, C; GUERRERO, RT. 2005. DNA extraction from frozen field-collected and dehydrated herbarium fungal basidiomata: performance of SDS and CTAB-based methods. *Biotemas*, 18(2): 19-32.

- GUINDON, S.; GASCUEL, O. 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. *Syst Biol*, 52: 696–704.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). 2012. Manual Técnico da Vegetação Brasileira. Manuais Técnicos em Geociências. 72-74.
- KATO, K.; STANDLEY, D.M. 2013. MAFFT. Multiple sequence alignment software 7: improvements in performance and usability. *Mol Bio Evol* 30:772–780.
- KEARSE, M., MOIR, R., WILSON, A., STONES-HAVAS, S., CHEUNG, M., STURROCK, S., BUXTON, S., COOPER, A., MARKOWITZ, S., DURAN, C., THIERER, T., ASHTON, B., MENTJES, P., & DRUMMOND, A. (2012). Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12), 1647-1649. et al., 2012
<http://www.geneious.com>
- KIRK, P.M.; CANNON, P.F.; MINTER, D.W.; STALPERS, J.A. 2008. *Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi*. 10rd edition, *CAB International*.
- LARGENT, D.L., JOHNSON, D. & WATHLING, R. 1977. How to identify mushrooms to genus III. Microscopic features. Mad River Press, Eureka, California, USA.
- MARTINS-RAMOS, D., CHAVES, C.L., BORTOLUZZI, R.L.C., MANTOVANI, A. 2010. Florística de Floresta Ombrófila Mista Altomontana e de Campos em Urupema, Santa Catarina, Brasil. *Revista brasileira Biociências* 9(2): 156-166.
- MATHENY, P.B. 2005. Improving phylogenetic inference of mushrooms with RPB1 and RPB2 nucleotide sequences (Inocybe, Agaricales). *Mol Phylogenet Evol* 35:1–20, doi:10.1016/j.ympev.2004.11.014.
- MELLO-SILVA, R. 2012. Winteraceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil.
- MILLER, M. A., PFEIFFER, W. AND SCHWARTZ, T. (2011) “The CIPRES science gateway: a community resource for phylogenetic

- analyses". In Proceedings of the 2011 TeraGrid Conference: Extreme Digital Discovery, (Salt Lake City, July 17, 2011). 41:1-8.
- QUAEDVLIEG, W.; BINDER, M.; GROENEWALD, J.Z.; SUMMERELL, B.A.; CARNEGIE, A.J.; BURGESS, T.I.; CROUS, P.W. 2014. Introducing the Consolidated Species Concept to resolve species in the Teratosphaeriaceae. *Persoonia* 33: 1-40. doi: 10.3767/003158514X681981.
- RAJCHENBERG M., WRIGHT JW. 1987. Type studies of Corticiaceae and Polyporaceae (Aphyllphorales) described by C. Spegazzini. *Mycologia* 79:246–264, doi:10.2307/3807658
- RAMBAUT A, SUCHARD MA, XIE D & DRUMMOND AJ (2014) Tracer v1.6, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>
- RAYMUNDO T., DECOCK C, AMALFI M, VALENZUELA R, CIFUENTES J, PECHECO-MOTA L. 2012. New records of the genus *Fomitiporia* (Hymenochaetales, Basidiomycota) in Mexico. *Rev Mex Biodivers* 83:313–328.
- REHNER, S.A.; BUCKLEY, E. 2005. A *Beauveria* phylogeny inferred from nuclear ITS and EF1-a sequences: Evidence for cryptic diversification and links to *Cordyceps* teleomorphs. *Mycologia*, 97: 84–98.
- RONQUIST F., TESLENKO M., VAN DER MARK P., AYRES D.L., DARLING A., HÖHNA S., LARGET B., LIU L., SUCHARD M.A., HUELSENBECK J.P. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst. Biol.* 2012;61:539-542. et al., 2012
- RYVARDEN, L. 1991. Genera of polypores, nomenclature and taxonomy 5. *Synopsis Fungorum*, pp. 1–373.
- SCHEER, M.B. & MOCOCHINSKI, A.Y. 2009. Florística vascular da Floresta Ombrófila Densa Altomontana de quatro serras no Paraná. *Biota Neotrop* 9(2): <http://www.biotaneotropica.org.br/v9n2/pt/abstract?article+bn00609022009>.
- SPEGAZZINI, C. 1887. Fungi Patagonici. *Boletín de la Academia Nacional de Ciencia en Córdoba*: 438-439.

- STAMATAKIS, A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30(9):1312-3. doi: 10.1093/bioinformatics/btu033.
- TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, FILIPSKI A, AND KUMAR S (2013)MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0.*Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- VILGALYS R, HESTER M. 1990. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *J Bacteriol* 172:4238-4246.
- VILGALYS LABORATORY 2014 -
<http://sites.duke.edu/vilgalyslab/contact-info/>.
- VLASÁK, J.; KOUT, J. 2011. Pileate *Fomitiporia* species in the USA. New combinations *Fomitiporia calkinsii* and *F. bakeri*. *Mycological Progress* 10: 445–452.
- WAECHTER, J.L. 1990. Padrões geográficos na flora atual do Rio Grande do Sul. In *Fitogeografia do Sul da América* (BRESSAN, D.A.; MARCHIORI, J.N.C.; SCHLEE, A.T.; LORETO, E.; DURLO, M.A.; ROCHA, R.P.; MOTA, R., eds). *Ciência & Ambiente*. Santa Maria. Universidade Federal de Santa Maria v.1, n.1, p. 93-108.
- WENDLAND J, KOTHE E. 1997. Isolation of *tefl* encoding translation elongation factor EF1a from the homobasidiomycete *Schizophyllum commune*. *Mycol Res* 101: 798–802.
- WRIGHT JE, BLUMENFELD SN. 1984. New South American species of *Phellinus* (Hymenochaetaceae). *Mycotaxon* 21:413–425.
- ZHOU LW, XUE HJ. 2012. *Fomitiporia pentaphylacis* and *F. tenuitubus* spp. nov. (Hymenochaetales, Basidiomycota) from Guangxi, southern China. *Mycol Prog*, doi:10.1007/s11557-012-0806-1.

Table I List of species, collections, and sequences used in the phylogenetic analyses

Genus/species names Voucher specimens / cultures reference	Locality	GenBank accession number			
		nrLSU	nrITS	<i>tefl-α</i>	RPB2
<i>F. aethiopica</i> Decock et al.					
MUCL 44777 (T)	Ethiopia	AY618204	GU478341	GU461893	JQ087956
MUCL 44806	Ethiopia	AY618202	GU461944	GU461892	JQ087955
<i>F. apiahyna</i> (Speg.) Robledo et al.					
MUCL 51451	Ecuador	GU461997	GU461963	GU461896	JQ087958
MUCL 51454	Ecuador	JX093812	JX093769	JX093725	JX093856
MUCL 51456	Ecuador	JX093813	JX093770	JX093726	JX093857
MUCL 51474	Ecuador	JX093814	GU461961	JX093727	JX093858
MUCL 51485	Ecuador	GU461996	GU461962	GU461895	JQ087957
MUCL 53022	French Guiana	JX093815	JX093771	JX093728	JX093859
MUCL 53041	French Guiana	JX093816	JX093772	JX093729	JX093860
MUCL 53042	French Guiana	JX093817	JX093773	JX093730	JX093861
MUCL 53047	French Guiana	JX093818	JX093774	JX093731	JX093862
MUCL 53071	French Guiana	JX093819	JX093775	JX093732	JX093863
MUCL 53135	French Guiana	JX093820	JX093776	JX093733	JX093864
MUCL 53145	French Guiana	JX093821	JX093777	JX093734	JX093865
MUCL 53149	French Guiana	JX093822	JX093778	JX093735	JX093866
MUCL 53156	French Guiana	JX093823	JX093779	JX093736	JX093867
MUCL 53711	French Guiana	JX093824	JX093780	JX093737	JX093868
MUCL 53988	French Guiana	JX093825	JX093781	JX093738	JX093869
MUCL 53989	French Guiana	JX093826	JX093782	JX093739	JX093870
MUCL 53990	French Guiana	JX093827	JX093783	JX093740	JX093871
MUCL 53991	French Guiana	JX093828	JX093784	JX093741	JX093872
MUCL 53726	French Guiana	JX093829	JX093785	JX093742	JX093873
FLOR 58546	Brazil	KU663269	KU663297	-	KU663347
FLOR 58547	Brazil	KU663270	KU663298	KU663324	KU663348
FLOR 58548	Brazil	KU663271	KU663299	KU663325	KU663349
FURB 47595	Brazil	KU663272	KU663300	KU663326	KU663350
FLOR 58563	Brazil	KU663273	KU663301	-	-
FLOR 58549	Brazil	KU663274	KU663302	KU663327	KU663351
<i>F. australiensis</i> Fischer et al.					
VPRI 22451a PT (MUCL 49406)	Australia	GU462001	AY624997	GU461897	JQ087959
<i>F. baccharidis</i> (Pat.) Decock et al.					
MUCL 47756	Argentina	JQ087913	JQ087886	JQ087940	JQ087993
MUCL 47757	Argentina	JQ087914	JQ087887	JQ087941	JQ087994
MUCL 47758	Argentina	JQ087915	JQ087888	JQ087942	JQ087995
<i>F. bakeri</i> (Murrill) Vlasak & Kout					
FP-134784-Sp (MUCL 51098)	USA	JQ087901	JQ087874	JQ087928	JQ087960
<i>F. bannaensis</i> Y.C. Dai					
MUCL 45926	Thailand	EF429217	GU461942	GU461898	JQ087961
MUCL 46950	China	EF429218	GU461943	GU461899	JQ087962
<i>F. calkinsii</i> (Murrill) Vlasak & Kout					
FP-71907-T (MUCL 51100)	USA	JQ087902	JQ087875	JQ087929	JQ087963

Table I (continued)

Genus/species names Voucher specimens / cultures reference	Locality	GenBank accession number			
		nrLSU	nrITS	<i>tefl-a</i>	RPB2
MUCL 52346	Mexico	JQ087903	JQ087876	JQ087930	JQ087964
<i>F. capensis</i> M. Fisch. et al.					
MUCL 53009	South Africa	JQ087917	JQ087890	JQ087944	JQ087997
<i>F. castilloi</i> Decock & Amalfi					
MUCL 53481 (T)	French Guiana	JQ087916	JQ087889	JQ087943	JQ087996
MUCL 53980 (PT)	French Guiana	JX093830	JX093786	JX093743	JX093874
MUCL FG10282	French Guiana	JQ087916	JQ087889	JQ087943	JQ087996
<i>F. cupressicola</i> Amalfi et al.					
MUCL 52486 (T)	Mexico	JQ087904	JQ087877	JQ087931	JQ087965
MUCL 52488	Mexico	JQ087905	JQ087878	JQ087932	JQ087966
MUCL 52489	Mexico	JQ087906	JQ087879	JQ087933	JQ087967
MUCL 52490	Mexico	JQ087907	JQ087880	JQ087934	JQ087968
<i>F. drimyodophila</i> ad int. Alves-Silva et al. (sp2)					
FLOR 57850 (T)	Brazil	KU663275	KU663303	KU663328	KU663352
FLOR 57851	Brazil	KU663276	KU663304	KU663329	KU663353
FLOR 57852	Brazil	KU663277	KU663305	KU663330	KU663354
FLOR 57853	Brazil	KU663278	KU663306	KU663331	KU663355
FLOR 57854	Brazil	KU663279	-	KU663332	KU663356
FLOR 57855	Brazil	KU663280	KU663307	KU663333	KU663357
FLOR 57856	Brazil	KU663281	KU663308	-	KU663358
FLOR 57857	Brazil	KU663282	KU663309	KU663334	KU663359
FLOR 57858	Brazil	KU663283	KU663310	KU663335	KU663360
FLOR 57859	Brazil	KU663284	KU663311	KU663336	KU663361
FLOR 58545	Brazil	KU663285	KU663312	KU663337	KU663362
<i>F. dryophila</i> Murrill					
TN-93-232 (MUCL 46379)	USA	EF429221	EF429240	GU461902	JQ087969
TN-93-234 (MUCL 46380)	USA	EF429219	EF429238	GU461900	JQ087970
<i>F. erecta</i> (A. David et al.) Fiasson					
MUCL 49871	France	GU461976	GU461939	GU461903	JQ087971
<i>F. expansa</i> Decock & Amalfi					
MUCL 55026	French Guiana	KJ401032	KJ401031	KJ401033	KJ401034
<i>F. gabonensis</i> Amalfi & Decock					
MUCL 47576 (T)	Gabon	GU461990	GU461971	GU461923	JQ087972
MUCL 51291	Gabon	GU461986	GU461967	GU461924	JQ087973
<i>F. hartigii</i> (Allesch. & Schnabl) Fiasson & Niemela					
MAFF 11-20016 (MUCL 31400)	Japan	JQ087909	JQ087882	JQ087936	JQ087975
75-2 562 (MUCL 53549)	Estonia	JX093831	JX093787	JX093744	JX093875
71-25 464 (MUCL 53550)	Estonia	JX093832	JX093788	JX093745	JX093876
75-3 563 (MUCL 53550)	Estonia	JX093833	JX093789	JX093746	JX093877
<i>F. hippophaeicola</i> (H. Jahn) Fiasson & Niemelä					
MUCL 31746	Belgium	AY618207	GU461945	GU461904	JQ087976
MUCL 31747	Belgium	GU461977	GU461946	GU461905	JQ087977

Table I (continued)

Genus/species names Voucher specimens / cultures reference	Locality	GenBank accession number			
		nrLSU	nrITS	<i>tefl-α</i>	RPB2
<i>F. ivindoensis</i> Decock et al.					
MUCL 51311	Gabon	GU461979	GU461952	GU461907	JQ087978
MUCL 51312 (T)	Gabon	GU461978	GU461951	GU461906	JQ087979
<i>F. langloisii</i> Murrill					
FP-94347-R (MUCL 46375)	USA	EF429225	EF429242	GU461908	JQ087980
01-77/4 (MUCL 46165), (T of <i>F. hesleri</i>)	USA	EF429223	AY340026	GU461909	JQ087981
<i>F. maxonii</i> Murrill					
MUCL 46017 (= CRGF 182)	Cuba	EF429230	EF433559	GU461910	JQ087983
MUCL 46037 (= CRGF 183)	Cuba	EF429231	EF433560	GU461911	JQ087982
<i>F. mediterranea</i> M. Fisch.					
AFTOL ID 688	ND	AY684157	AY854080	AY885149	AY803748
MUCL 38514	Italy	AY618201	GU461953	GU461912	JQ087984
MUCL 45670	France	GU461980	GU461954	GU461913	JQ087985
<i>F. neotropica</i> Campos-Santana et al.					
MUCL 53114	French Guiana	JX093836	JX093792	JX093749	JX093880
MUCL 51335 (T)	Argentina	KF444721	KF444698	KF444771	KF444744
MUCL 51336 (PT)	Argentina	KF444722	KF444699	KF444772	KF444745
FLOR 58559	Brazil	KU663286	KU663313	-	-
FLOR 58560	Brazil	KU663287	KU663314	KU663338	KU663363
FLOR 58562	Brazil	-	KU663315	KU663339	KU663364
<i>F. nobilissima</i> Decock & Yombiyeni					
MUCL 47580	Gabon	GU461985	GU461966	GU461921	JQ087986
MUCL 51289 (T)	Gabon	GU461984	GU461965	GU461920	JQ087987
<i>F. polymorpha</i> M. Fisch.					
91-42/3 (MUCL 46166) (PT)	USA	DQ122393	GU461955	GU461914	JQ087988
91-42/1 (MUCL 46167) (PT)	USA	EF429233	GU461956	GU461915	JQ087989
<i>F. pseudopunctata</i> (A. David et al.) Fiasson					
MUCL 51325	Czech	GU461981	GU461948	GU461916	JQ087998
MUCL 46168	France	JQ087918	JQ087891	JQ087945	JQ087999
<i>F. punctata</i> (Fr.) Murrill					
MUCL 34101	Germany	AY618200	GU461947	GU461917	JQ088000
WD-2055 (MUCL 47629)	Japan	GU461982	GU461950	GU461918	JQ088001
71-8 298 (MUCL 53548)	Europe	JX093834	JX093790	JX093747	JX093878
<i>F. punicata</i> Y.C. Dai et al.					
Cui 23	China	GU461991	GU461974	GU461927	JQ088002
Cui 26	China	GU461992	GU461975	GU461928	JQ088003
<i>F. robusta</i> (P. Karst.) Fiasson & Niemelä					
CBS 389.72 (MUCL 51297)	Estonia	JQ087919	JQ087892	JQ087946	JQ088004
Tomsovsk 1013 (MUCL 51327)	Czech	GU461993	GU461949	GU461929	JQ088005
<i>F. sonora</i> (Gilb.) Y.C. Dai					
RLG-10862-Sp (MUCL 47689) (T)	USA	JQ087920	JQ087893	JQ087947	JQ088006

Table I (continued)

Genus/species names Voucher specimens / cultures reference	Locality	GenBank accession number			
		nrLSU	nrITS	<i>tefl-a</i>	RPB2
<i>Fomitiporia</i> "sp. "					
MUCL 53675	French Guiana	JX093835	JX093791	JX093748	JX093879
FLOR 58561	Brazil	KU663288	-	KU663340	KU663365
CBS 386.66 = MUCL 46181	Argentina	EF429234	EF433563	GU461930	JQ088007
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS1					
TH 8903	Guyana	JX093837	JX093793	JX093750	-
TH 8904	Guyana	JX093838	JX093794	JX093751	-
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS2					
MUCL 53108	French Guiana	JX093839	JX093795	JX093752	JX093881
MUCL 53705	French Guiana	JX093840	JX093796	JX093753	JX093882
MUCL 53992	Guadalupe	JX093841	JX093797	JX093754	JX093883
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS3a					
MUCL 51464	Ecuador	JX093842	JX093798	JX093755	JX093884
MUCL 53034	French Guiana	JX093843	JX093799	JX093756	JX093885
MUCL 53106	French Guiana	JX093844	JX093800	JX093757	JX093886
MUCL 53111	French Guiana	JX093845	JX093801	JX093758	JX093887
MUCL 53785	French Guiana	JX093846	JX093802	JX093759	JX093888
MUCL 53793	French Guiana	JX093847	JX093803	JX093760	JX093889
MUCL 53800	French Guiana	JX093848	JX093804	JX093761	JX093890
MUCL 53985	French Guiana	JX093849	JX093805	JX093762	JX093891
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS3b					
GC-FG-10-125	French Guiana	JX093850	JX093806	JX093763	JX093892
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS4					
MUCL 53993	Mexico	JX093851	JX093807	JX093764	JX093893
MUCL 53994	Mexico	JX093852	JX093808	JX093765	JX093894
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS5					
MUCL 51555	Martinique	JX093853	JX093809	JX093766	JX093895
MUCL 5379	French Guiana	JX093854	JX093810	JX093767	JX093896
<i>Fomitiporia</i> "sp. " PS6					
MUCL 53798	French Guiana	JX093855	JX093811	JX093768	JX093897
<i>Fomitiporia</i> "sp. "					
MUCL 52350	Mexico	JQ087912	JQ087885	JQ087939	JQ087992
<i>Fomitiporia</i> "sp. "					
MUCL 51105	USA	JQ087911	JQ087884	JQ087938	JQ087991
<i>Fomitiporia</i> "sp. "					
MUCL 51106	USA	JQ087910	JQ087883	JQ087937	JQ087990
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 1					
FLOR 58550	Brazil	KU663289	-	KU663341	KU663366
FLOR 58551	Brazil	KU663290	KU663316	-	-
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 3					
FLOR 58553	Brazil	KU663291	KU663317	KU663342	-

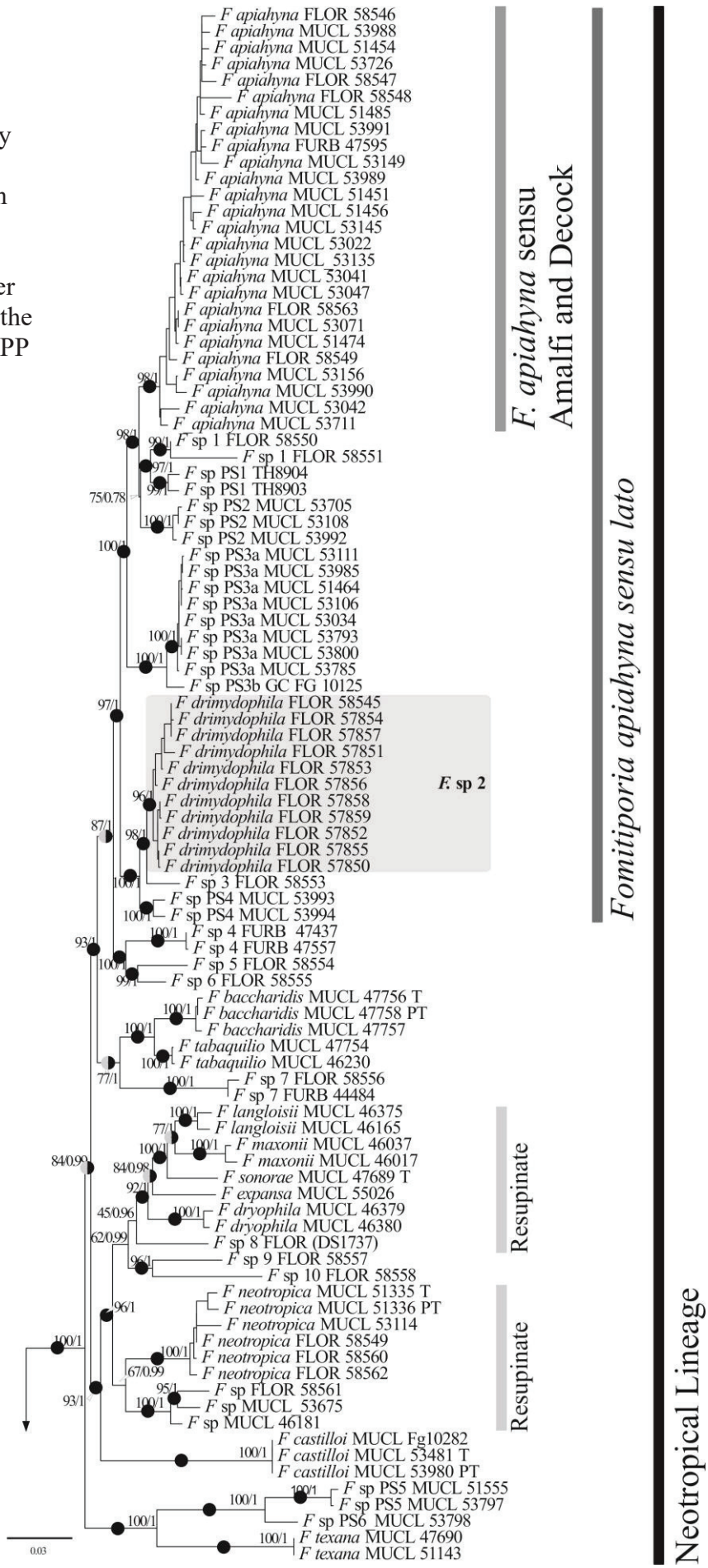
Table I (continued)

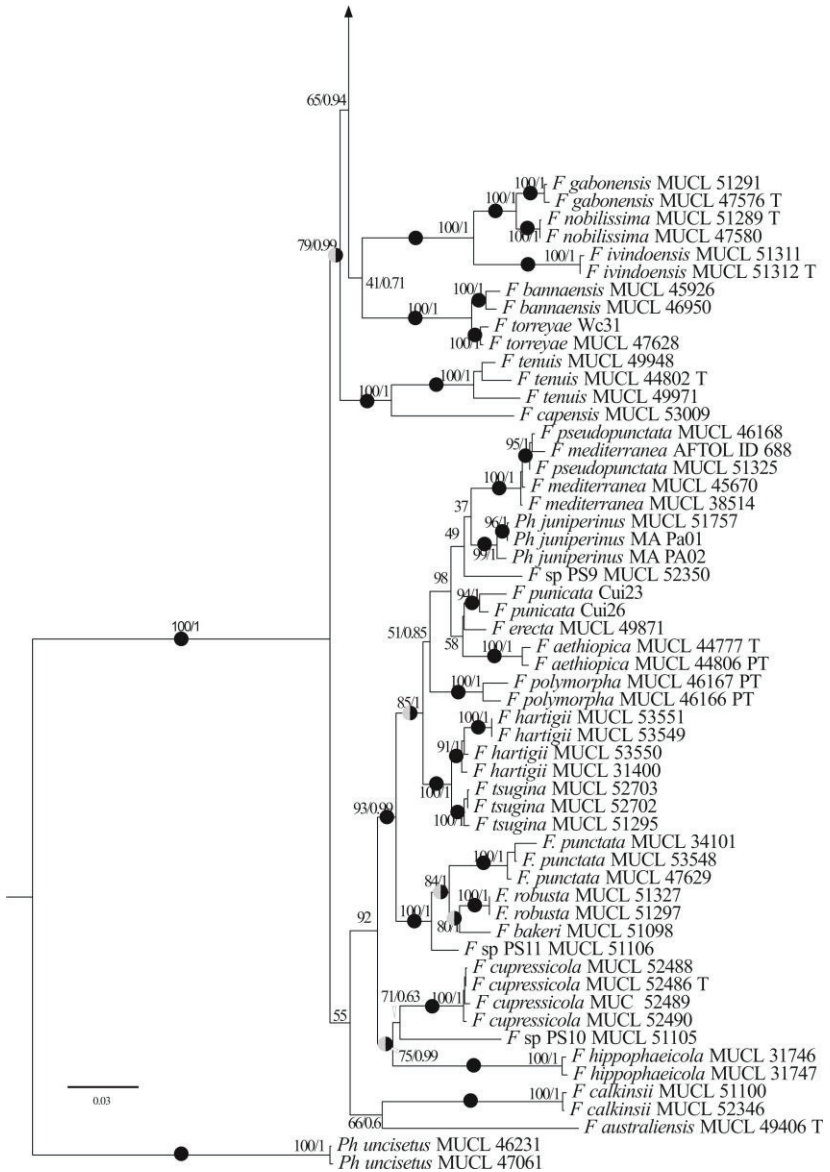
Genus/species names Voucher specimens / cultures reference	Locality	GenBank accession number			
		nrLSU	nrITS	<i>tef1-a</i>	RPB2
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 4					
FURB 47437	Brazil	-	KU557530	-	KU557534
FURB 47557	Brazil	KU557527	KU557531	KU557532	KU557533
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 5					
FLOR 58554	Brazil	KU557526	KU557528	-	-
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 6					
FLOR 58555	Brazil	KU663292	KU663318	KU663343	KU663367
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 7					
FLOR 58556	Brazil	KU663293	KU663319	KU663344	KU663368
FURB 44484	Brazil	-	KU663320	-	KU663369
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 8					
FLOR (DS1737)	Brazil	KU663294	KU663321	KU663345	KU663370
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 9					
FLOR 58557	Brazil	KU663295	KU663322	KU663346	KU663371
<i>Fomitiporia</i> "sp. " 10					
FLOR 58558	Brazil	KU663296	KU663323	-	-
<i>F. tabaquilio</i> (Urcelay et al.) Decock & Robledo					
MUCL 46230	Argentina	DQ122394	GU461940	GU461931	JQ088008
MUCL 47754	Argentina	GU461994	GU461941	GU461932	JQ088009
<i>F. tenuis</i> Decock et al.					
MUCL 44802 (T)	Ethiopia	AY618206	GU461957	GU461934	JQ088010
MUCL 49948	Gabon	GU461998	GU461958	GU461935	JQ088011
MUCL 49971	Uganda-	GU461998	GU461958	GU461935	JQ088012
<i>F. texana</i> (Murrill) Nuss					
RLG-7763-T (MUCL 47690)	USA	JQ087921	JQ087894	JQ087948	JQ088013
FP-89674-R (MUCL 51143)	USA	JQ087922	JQ087895	JQ087949	JQ088014
<i>F. torreyae</i> Y.C. Dai & B.K. Cui					
WD-199 (MUCL 47628)	Japan	JQ087923	JQ087896	JQ087950	JQ088015
WC3	China	JQ087924	JQ087897	JQ087951	JQ088016
<i>F. tsugina</i> Murrill					
Ft_San (MUCL 52702)	USA	JQ087925	JQ087898	JQ087952	JQ088017
Ft_T2-1 (MUCL 52703)	USA	JQ087926	JQ087899	JQ087953	JQ088018
MUCL 51295	USA	JQ087908	JQ087881	JQ087935	JQ087974
<i>Ph. juniperinus</i> Bernicchia & S. Curreli					
MUCL 51757	Tunisia	JQ087927	JQ087900	JQ087954	JQ088019
MA PA01	Italy	KF444726	KF444703	KF444776	KF444749
MA PA02	Italy	KF444727	KF444704	KF444777	KF444750
<i>Ph. uncisetus</i> Robledo et al.					
MUCL 46231	Argentina	EF429235	GU461960	GU461937	JQ088020
MUCL 47061	Argentina	GU462000	GU461972	GU461938	JQ088021

Table II Summary of nrITS, nrLSU, *tefl*- α and *rpb2* datasets.

Properties	Datasets										
	ITS1	5.8S	ITS2	nrLSU	<i>tefl</i> 1st	<i>tefl</i> 2nd	<i>tefl</i> 3rd	<i>tefl</i> introns	<i>rpb2</i> 1st	<i>rpb2</i> 2nd	<i>rpb2</i> 3rd
Model selected	TVM+G	TIM3ef	HKY+G	TIM2+I+G	TrN+I+G	TPM2uf+G	GTR+G	HKY+I	TIM2+I+G	F81+G	TPM2uf+I+G
Likelihood score	-2,925.66	-424.36	-2,033.62	-2,904.03	-699.49	-562.53	-3,258.36	-1,924.53	-779.92	-488.36	-5,093.39
Base frequencies											
Freq. A =	0.2529	Equal	0.2547	0.2559	0.2964	0.3147	0.1484	0.2849	0.2684	0.3070	0.2019
Freq. C =	0.1829	Equal	0.1761	0.1935	0.1881	0.2509	0.3147	0.1853	0.2361	0.1829	0.1986
Freq. G =	0.2173	Equal	0.2062	0.2971	0.3769	0.1489	0.2367	0.1558	0.3509	0.2108	0.2984
Freq. T =	0.3469	Equal	0.3630	0.2536	0.1386	0.2855	0.3002	0.3739	0.1446	0.2994	0.3011
Proportion of invariable sites	–	–	–	0.6600	0.7580	–	–	0.1290	0.5120	–	0.0740
Gamma shape	0.7670	–	0.4010	0.7030	0.6790	0.0290	1.6200	–	0.5720	0.0240	2.3500

Fig. 1. Phylogram from relationships of genus *Fomitiporia*, of combined nrITS, nrLSU, *tefl-α* and *rpb2* sequences, inferred by Maximum Likelihood analysis (log likelihood -ln 28163.12). On branches, black circles represent ML BS/BPP = 90/0.99 or higher (high support) and grey in the circles represent ML BS/BPP of 70/0.95 or higher (moderate support).





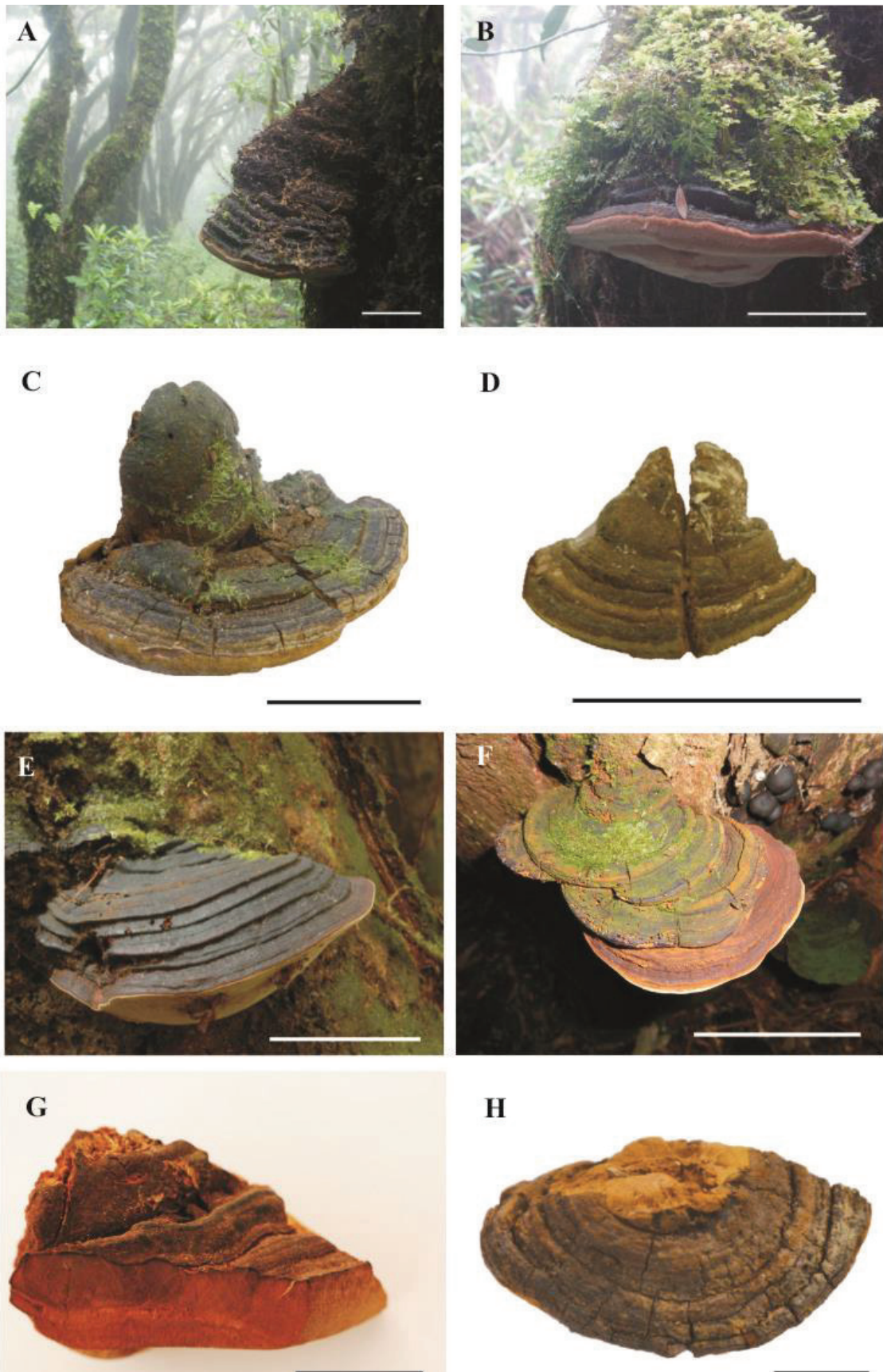


Fig. 2. A-C. *Fomitiporia drimytophila* ad int.. Macroscopic features *in situ*. **A.** Cloud Forest in background, FLOR 57857; **B.** FLOR 57850. Details pileus and pore surface, sulcus and mousses; **C.** FLOR 57854. Details cracked basidiomata with basal umbo; **D.** *Fomitiporia* sp. 3 (FLOR 58553). Macroscopic features. **E.** *Fomitiporia apiahyna* *sensu* Amalfi and Decock 2013. Macroscopic features *in situ*. **F.** *Fomitiporia* sp. 1 (FLOR 58550). Macroscopic features *in situ*; **G.** Holotype of *F. apiahyna* (LPS 24922). Details sulcus and margin. **H.** *Fomitiporia baccharidis*. Semicircular cracked basidiomata. *Scale bars:* A-G = 5 cm; H = 1 cm.

**CAPÍTULO II – Fungal diversity notes 253-366: taxonomic
and phylogenetic contributions to fungal taxa**

(Duas espécies publicadas na revista *Fungal Diversity*,
juntamente com outros táxons, DOI 10.1007/s13225-016-0366-
9).

Fungal diversity notes 253-366: taxonomic and phylogenetic contributions to fungal taxa

Authors

Guo Jie Li¹ & Kevin D. Hyde^{2,3,4} & Rui Lin Zhao¹ & Genivaldo Alves-Silva⁷ & E. Ricardo Drechsler-Santos⁷ & Aristóteles Góes-Neto³³ & Mateus A. Reck⁷ & ...

¹ State Key Laboratory of Mycology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, No 3 1st West Beichen Road, Chaoyang District, Beijing 100101, People's Republic of China

² Centre of Excellence in Fungal Research and School of Science, Mae Fah Luang University, Chiang Rai 57100, Thailand

³ Key Laboratory for Plant Diversity and Biogeography of East Asia, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Science, Kunming 650201, Yunnan, People's Republic of China

⁴ Department of Botany and Microbiology, College of Science, King Saud University, P.O. Box: 2455, Riyadh 1145, Saudi Arabia

⁷ Micolab, Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Universitário Trindade, CEP: 88040-900 Florianópolis, Santa Catarina, Brazil

³³ Laboratório de Pesquisa em Microbiologia (LAPEM), Departamento de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Botânica, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana CEP: 44036-900Bahia, Brazil

*Hymenochaetales**Hymenochaetaceae* Donk*Fomitiporia* Murril

Fomitiporia Murril is characterized by pileate to resupinate basidiomata, hymenial setae present in some species, dextrinoid basidiospores, and a dimitic hyphal system through all the basidioma (Decock et al. 2007). The genus has about 40 species described; many of those have been collected on live tree hosts, suggesting some levels of host-specificity (Amalfi et al. 2012; Dai et al. 2008). Historically, due to low morphological variation, several taxa represent morphological complexes of cryptic species, thus the phylogenetic reconstructions based on molecular data have been playing a crucial role in the discovery of unknown lineages (Decock et al. 2007; Vlasák and Kout 2011). Neotropical region presents high levels of unknown diversity (Amalfi and Decock 2013; Amalfi et al. 2014), mainly because there are several areas without collections records. Two new pileate species of *Fomitiporia* from south Brazil are described in this study. The phylogenetic tree for *Fomitiporia* is presented in Fig. 1.

Fomitiporia atlantica Alves-Silva, Reck & Drechsler-Santos,
sp. nov.

Index Fungorum number: IF 551915, *Facesoffungi number*: FoF 01831, Fig. 2.

Etymology: referring to the vegetational type where the fungus was found, the Atlantic forest.

Holotype: FLOR 58554.

Basidiomata perennial, pileate, sessile and mostly broadly attached, semicircular, solitary to imbricate, then with the different pilei fusing, with a nodulous aspect when emerging from the wood, obtriquetrous to obungulate, also triquetrous, projecting 12.5–51 mm, 21–66 mm wide and 20–82 mm thick at the base, woody consistency when dried; *pileus* glabrous, concentrically zonated with multiple narrow bands, slightly sulcate, faintly cracked when old, dull, when fresh, the pilear surface are greyish brown [11 E(3)], violet brown [11 F(4)] to dark brown [7 F(6–8)], on drying brown [6 E(5–8)] to olive brown [6 F(4–8)] when young [6 E(5–8)], becoming dark brown [6 F(5–8)]; *margin* finely velutinous, round, folded, thick, 3.5–19 mm thickness, sterile, olive brown [6 F(4–8)], yellowish brown to brown [5 DEF(6–8)]; *pore surface* light greyish brown [5 D(8)] when young, greyish brown to cinnamon; pores rounded to angular, 6–8 (–9) per mm, (60–) 70–110 (–120) μm diam. (mean = 89 μm); *dissepiments* entire, (30–) 40– 120 μm (mean = 67 μm) thick; tubes distinct to mostly indistinctly stratified, with several layers (up to 15

layers in the oldest basidioma), those interleaved with context layers usually thicker (up to five times), individual tube layers relatively thin, sometimes difficult to distinguish, up to 2 mm tall, brown [5 EF(4–5)] to grayish brown [5 E(3)], the older layers filled with whitish mycelium; *context* simple, up to 20 mm thick, concentrically zonate, sometimes constituted by extremely thin black lines (invisible to the unaided eye) that made the separation between growth layers of the context, with dense texture and woody consistency, golden to brownish yellow [5 BC (7–8)], with a distinct dark line at the surface, which is dark brown when young, becoming black, sometimes with a resinous aspect. *Hyphal system* dimitic in all parts; *generative hyphae* simple-septate, hyaline to pale yellow, sparingly branched, 2–3 μm diam; *skeletal hyphae* golden brown to reddish brown, unbranched, thick-walled, rarely with local swelling up to 8 μm , in the context 4–5(–5.5) μm diam., the lumen 1.5–3 μm wide, in the hymenophoral trama 4–5(–6) μm diam., the lumen 1.5–3(–4) μm wide. *Hymenium*: *hymenial setae* absent, other sterile elements presents (as basidioles), hyaline, thin-walled; *basidia* subglobose to globose, hyaline, tetrasporic, 9–11 \times 7–8 (mean = 9.5 \times 8 μm), Q = 1–1.3 μm (meanQ = 1.18 μm); *basidiospores* subglobose, globose to obovoid, with the wider portion displaced towards the apex, (4.5–) 5–5.5 (–6) \times 4–5.5 μm (mean = 5.1 \times 4.8 μm), Q = 1–

1.25 μm (meanQ = 1.08 μm) (n = 40), hyaline, strong to weakly dextrinoid, cyanophilous, thick-walled, smooth.

Material examined: BRAZIL, Santa Catarina, Blumenau, Parque Natural Municipal São Francisco de Assis, 26°55'17"S 49°04'18"W, on dead cut tree, 21 November 2014, G. Alves-Silva 640, (FLOR 58554, **holotype**); *Ibid.*, on dead standing trunk, 15 September 2015, F. Bittencourt 507 (FURB 47591).

Notes: *Fomitiporia atlantica* is mainly characterized by the nodulose aspect of basidiomata with thick-rounded margin and darkness aspect of basidiomata when fresh, a narrowly zonated pilear surface, the zonation of the context (with variable presence of concentric thin black lines invisible to the unaided eye) and by the irregular layers of tubes (Fig. 2i); microscopically, the new species presents dimitic hyphal system and globose, subglobose to obovoid basidiospores with variable dextrinoid reaction. *Fomitiporia atlantica* shares with *F. castilloi* Decock & Amalfi a nodulous basidiomata (better observed in young specimens). However, *F. castilloi* is described by Amalfi and Decock (2013) from French Guiana as presenting distinct hymenial setae and slightly larger basidiospores in range and average (6.2 × 5.2 μm), besides having a wider pilear zonation as well as an azonated context. *Fomitiporia gabonensis* Amalfi & Decock also presents imbricate basidiomata and variable dextrinoid basidiospores.

Nevertheless, *F. gabonensis* was described by Amalfi et al. (2010) from Africa (Gabon) as presenting smaller basidiospores ($4.7 \times 4.1 \mu\text{m}$) and acute thinner margin. Besides the morphological evidences, *F. atlantica* is also supported by molecular results. The phylogenetic analysis (Fig. 1) showed the two specimens clustered together in a strong supported clade (BS = 100, BPP = 1). *Fomitiporia atlantica* forms a more inclusive clade with other two species, *F. subtilissima* (described below) and another undescribed species from Brazil (FLOR 58555). This clade displays nested vicinity to *F. apiahyna* sensu lato clade (Amalfi et al. 2014), appearing as a sister clade to this lineage. *Fomitiporia atlantica* differs from *F. apiahyna* (Speg.) Robledo, Decock & Rajchenb. sensu Amalfi and Decock (2013) mainly by its slightly smaller basidiospores (*F. apiahyna* = $5.9 \times 5.1 \mu\text{m}$) and pileus slightly sulcate and cracked, conspicuous features in *F. apiahyna*.

Fomitiporia subtilissima Alves-Silva, Reck & Drechsler-Santos, **sp. nov.**

Index Fungorum number: IF 551916, *Facesoffungi number*: FoF 01832, Fig. 2.

Etymology: referring to the relatively thin basidiomata.

Holotype: FURB 47557.

Basidiomata perennial, pileate; sessile, subdimidiate to pseudostipitate, the pseudostipe formed by successive deposited layers, single or with distinct pilei developing from the same point, semicircular, flabelliform to slightly spatulate, aplanate to convex, in section and near the base slightly obtriquetrous, projecting 18–162 mm, 17–96 mm wide and 6–40 mm thick at the base, soft, woody consistency; *pileus* glabrous, concentrically zonated with multiple narrow bands, moderately sulcate, light brown [6 D(5–8)], brownish orange [6 C(7–8)] to brown [6 E(5–8)], becoming dark brown [6 F(5–8)] to black; *margin* acute to obtuse, sterile, light brown [5 D(6–8)] to yellowish brown [6 E(5–8)]; *pore surface* grayish brown [6 F(3)] to cinnamon, near the base the newest tube layer presents an wider sterile yellowish brown [5 D(6–8)] margin (up to 2 mm), contrasting with the precedent layer recovered by brown [6 E(6–8)] context; pores rounded to angular, (4–) 5–9 per mm, (70–) 80–131 (–170) μm diam. (mean = 107 μm); *dissepiments* entire, 30–76 (–100) μm (mean = 45 μm) thick; tubes distinctly stratified, up to 9 layers, individual layers 0.3–3 mm thick, with context among it, up to 2 mm thick, greyish brown [6 F(3–4)] to brown [6 E (6–8)], but the youngest (active) layer greyish brown (6E4) to cinnamon, the older layers filled with whitish mycelium; *context* simple, concentrically zonate, up to 6 mm thick, with soft and hard to woody consistency, light golden

brown to light brownish yellow [5 BC (7–8)], with a distinct dark line at the surface. *Hyphal system* dimitic in all parts; *generative hyphae* simple-septate, hyaline to pale yellow, mildly branched, 1.5–2 (–2.5) μm diam; *skeletal hyphae* golden brown to reddish brown, unbranched, thick-walled, occasionally with constrictions incompleting becoming local swellings up to 8 μm diam., in the context, 3–5 μm diam., the lumen 1–3 μm wide, in the hymenophoral trama 3.5–4.5 μm diam., the lumen 1–3 μm wide. *Hymenium*: *hymenial setae* absent, other sterile elements presents (as basidioles), hyaline, thin-walled; *basidia* subglobose to globose, hyaline, tetrasporic, 9–10 \times 7–9 (mean = 9.2 \times 8.1 μm) Q = 1–1.3 μm (meanQ = 1.14 μm); *basidiospores* subglobose, globose to obovoid, the wider portion displaced towards the apex, 4–5 \times 4–4.5(–5) μm (mean = 4.5 \times 4 μm) Q = 1–1.25 μm (meanQ = 1.13 μm) (n = 40), hyaline, slightly to moderately dextrinoid and cyanophilous, thick-walled and smooth.

Material examined: BRAZIL, Santa Catarina, Blumenau, Parque Natural Municipal São Francisco de Assis, 26°55'17"S 49°04'18"W, growing on dead root of living *Sloanea guianensis* (Aubl.) Benth. (Elaeocarpaceae), 28 July 2015, F. Bittencourt 493 (FURB 47557, **holotype**, isotype in FLOR); *Ibid.*, in the base of a living unidentified angiosperm, 13 May 2015, F. Bittencourt 428 (FURB 47437).

Notes: The combination of flabelliform to spathulate, thin and aplanate basidiomata, with the presence of a pseudostipe, and the narrow concentrically zonated and sulcate abhymenial surface characterizes this species as unique in the genus. The pseudostipe is explained by its successive depositing forward tube layers that do not cover the precedent layer near the base. Besides, *F. subtilissima* has slightly to moderately dextrinoid basidiospores, which are relatively small when compared with other *Fomitiporia* species. Due to its macroscopic features, *F. subtilissima* resembles some *Phylloporia* species, but this genus is characterized by monomitic hyphal system and IKI⁺ basidiospores. Variably dextrinoid small basidiospores are also found in *F. gabonensis* and *F. ivindoensis* Decock, Amalfi & Yombiyeni (Amalfi et al. 2010), both described from Gabon, Africa. *Fomitiporia gabonensis* has thick, obtriquetrous and broadly attached basidiomata, while *F. ivindoensis* has cushion-shaped to aplanate basidiomata, but they do not have pseudostipe. The morphologic and molecular data (BS = 100, BPP = 1) give a high support the new species. The phylogenetic analysis (Fig. 1) recovered *F. subtilissima* in a clade nested with *F. atlantica* and another undescribed species from Brazil.

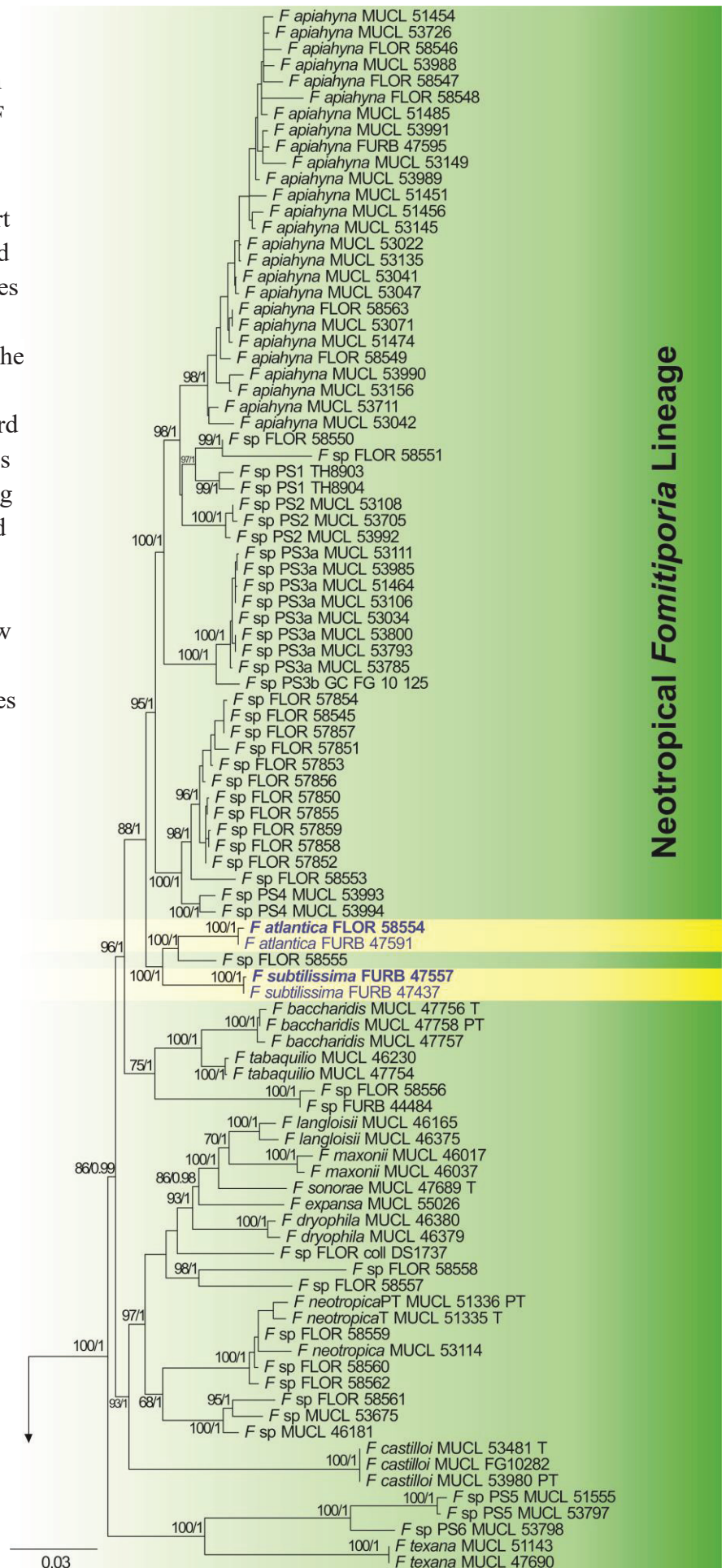
ACKNOWLEDGEMENT

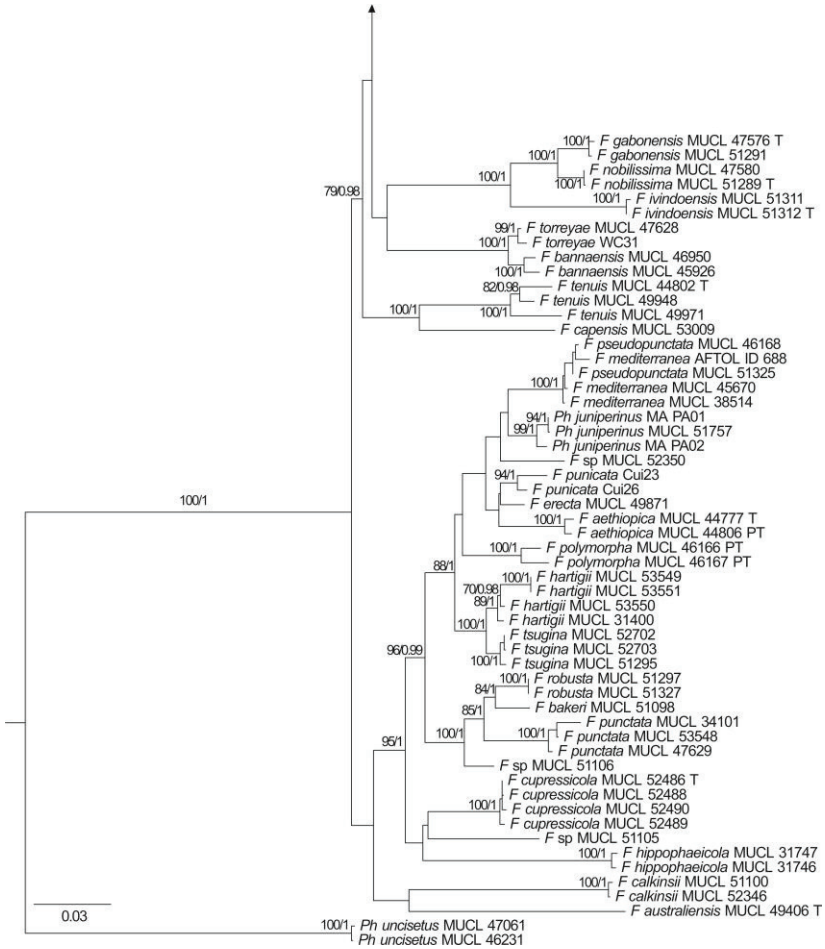
The authors thank Felipe Bittencourt for specimen collections and preparation of material collected; herbaria mentioned for the loan (FURB and FLOR); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) for providing a master's scholarship to G. Alves-Silva; Fiocruz for performing the molecular sequencing; PPGFAP and BrBOL for partial financing of the research. Mateus A. Reck thanks CAPES (PNPD Institucional 2011—23038.007790/2011-93) for scholarship and funding.

LITERATURE CITED

- Amalfi M, Yombiyeni P, Decock C (2010) *Fomitiporia* in sub-Saharan Africa: morphology and multigene phylogenetic analysis support three new species from the Guineo-Congolian rainforest. *Mycologia* 102(6): 1303-1317.
- Amalfi M, Decock C (2013) *Fomitiporia castilloi* sp. nov. and multiple clades around *F. apiahyna* and *F. texana* in Meso- and South America evidenced by multiloci phylogenetic inferences. *Mycologia* 105(4): 873-887. doi:10.3852/11-423.
- Amalfi M, Raymundo T, Valenzuela R, Decock C (2012) *Fomitiporia cupressicola* sp. nov., a parasite on *Cupressus arizonica*, and additional unnamed clades in the southern USA and northern Mexico, determined by multilocus phylogenetic analyses. *Mycologia* 104(4): 880-893.
- Amalfi M, Robledo G, Decock C (2014) *Fomitiporia baccharidis* comb. nov., a little known species from high elevation Andean forests and its affinities within the *Fomitiporia* Neotropical lineages. *Mycological Progress*. doi: 10.1007/s11557-014-0995-x.
- Decock C, Figueroa SH, Robledo G, Castillo G (2007) *Fomitiporia punctata* (Basidiomycota, Hymenochaetales) and its presumed taxonomic synonyms in America: taxonomy and phylogeny of some species from tropical/subtropical areas. *Mycologia*, 99(5): 733–752.
- Dai, Y-C, Cui B-K, Decock C (2008) A new species of *Fomitiporia* (Hymenochaetaceae, Basidiomycota) from China based on morphological and molecular characters. *Mycological Research* 112: 375-380.
- Vlasák J, Kout J (2011) Pileate *Fomitiporia* species in the USA. New combinations *Fomitiporia calkinsii* and *F. bakeri*. *Mycological Progress* 10: 445–452.

Fig.1 Phylogram generated from Maximum Likelihood (RAxML) analysis based on combined nrLSU, nrITS, EF and RPB2 sequence data of *Fomitiporia*. Maximum Likelihood bootstrap support values greater than 70 % and Bayesian posterior probabilities (BPP) greater than 0.98 are indicated above and below the nodes (BS/BPP). In the BI analysis, the average standard deviation of split frequencies = 0.005 and the bootstopping criteria of RAxML indicated 204 pseudoreplications as sufficient to access the internal branch support. New taxa are in blue and species for which obtained sequences are based on type material have names in bold.





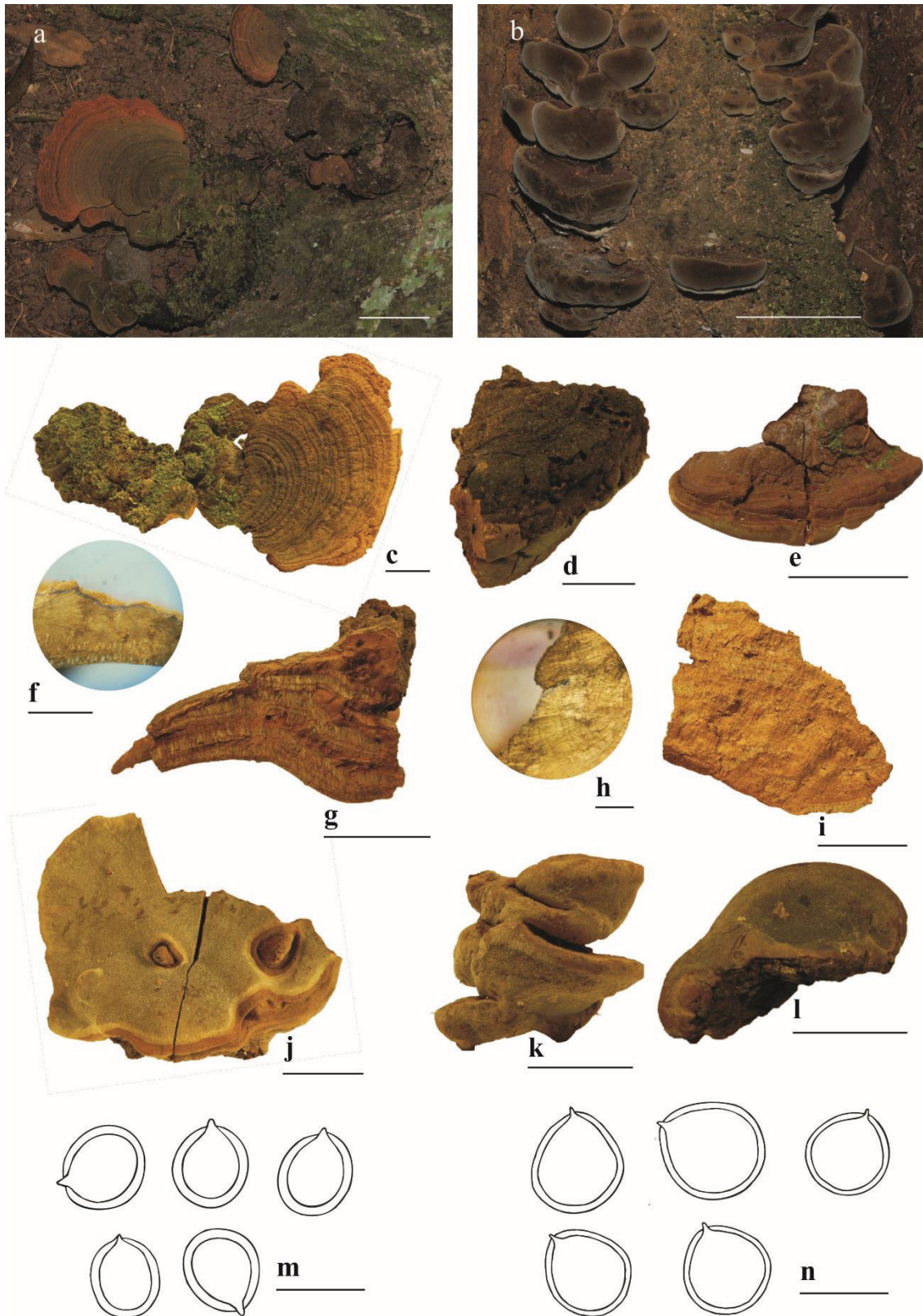


Fig.2 *Fomitiporia subtilissima* (FURB 47437) **a** Basidiomata *in situ* **c** Abhymenial surface showing the concentric zonation and spatulate aspect of basidioma. *Fomitiporia subtilissima* (FURB 47557, holotype) **f**, **g** Details of context and tubes **f** Black line at the surface **g** Context and tube layers **j** Hymenophoral surface **m** Basidiospores. *Fomitiporia atlantica* (FURB 47591) **b** Darkness aspect of basidiomata *in situ* **e** Abhymenial surface **h** Black line at the surface **k** Nodulous basidioma **l** Hymenophoral surface **n** Basidiospores. *Fomitiporia atlantica* (FLOR 58554, holotype) **d** Detail of slightly cracked abhymenial surface **i** Context and tube layers. Scale bars **a**, **b** = 50 mm; **c-e**, **g** and **i-l** = 20 mm; **f**, **h** = 2 mm; **m**, **n** = 5 μ m.

APÊNDICE

APÊNDICE F

Protocolo[§] otimizado para amplificar as regiões abaixo com DNA extraído de *Fomitiporia*, Hymenochaetaceae (basidioma)

LSU (volume de 25 µL)

Usar DNA à 1:20, configurações da PCR 1x (SM*: 20 µL; LR0R: 0,5 µL; LR7: 0,5 µL; água: 3 µL e 1,0 µL do DNA extraído já diluído) utilizando as configurações de amplificação contida no Anexo VI como LSU.

TEF1- α (volume de 25 µL)

DNA à 1:20 e SM*: 20 µL, 983F: 0,5 µL; 2212R: 0,5 µL e amostra: 4,0 µL.

ITS (volume de 25 µL)

DNA à 1:20 e SM*: 20 µL, ITS8F: 0,5 µL; ITS6R: 0,5 µL e amostra: 4,0 µL.

RPB2 (volume de 25 µL)

DNA à 1:20 e SM*: 20 µL, fRPB2-5F: 0,5 µL; bRPB2-7.1R: 0,5 µL e amostra: 4,0 µL.

§ Recomendado para espécimes de *Fomitiporia* ou Hymenochaetaceae em geral, devido a sua composição em

comum (e.g. estirilpirenos e/ou outros inibidores como um todo).

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

Na ausência do Super Mix pode se utilizar as seguintes configurações.

Volume (1×)	Reagente	Concentração inicial	Concentração final
10,8 µL	Água mili-Q		
2,5 µL	Tampão	10×	1x
2,5 µL	dNTP mix	5 mM	50 µM
0,5 µL	Primer 1	10 pmol ou µM	0,2 µM
0,5 µL	Primer 2	10 pmol ou µM	0,2 µM
2,5 µL	BSA	1 µg/µL	0,1 µg
1,5 µL	MgCl ₂ , caso a Taq não o tenha	25 mM	1,5 mM
0,2 µL	Taq DNA polimerase	5 U/µL	1 U
4,0 µL	DNA	1:10 ou 1:20 (testar)	
25,0 µL final			

APÊNDICE G

Partição RAxML para Verossimilhança Máxima.

DNA, gene1 = 1-894

DNA, gene2codon1 = 895-1707\3

DNA, gene2codon2 = 896-1707\3

DNA, gene2codon3 = 897-1707\3

DNA, gene3codon1 = 1708-2701\3

DNA, gene3codon2 = 1709-2701\3

DNA, gene3codon3 = 1710-2701\3

DNA, gene4 = 2702-2892

DNA, gene5 = 2893-3200

DNA, gene6 = 3201-3368

DNA, gene7 = 3369-3649

APÊNDICE H

Bloco com as configurações para análise de inferência Bayesiana.

```
BEGIN MRBAYES;
```

```
charset LSU = 1-894;
```

```
charset rpb2codon1 = 895-1707\3;
```

```
charset rpb2codon2 = 896-1707\3;
```

```
charset rpb2codon3 = 897-1707\3;
```

```
charset tef1codon1 = 1708-2701\3;
```

```
charset tef1codon2 = 1709-2701\3;
```

```
charset tef1codon3 = 1710-2701\3;
```

```
charset intron = 2702-2892;
```

```
charset ITS1 = 2893-3200;
```

```
charset 58S = 3201-3368;
```

```
charset ITS2 = 3369-3649;
```

```
PARTITION FAVORED = 11:
```

```
LSU,rpb2codon1,rpb2codon2,rpb2codon3,tef1codon1,tef1codon2,tef1codon3,intron,ITS1,58S,ITS2;
```

```
SET PARTITION = FAVORED;
```

```
end;
```

```
lset applyto = (1) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal rates = invgamma ngammacat = 4;
```

```
lset applyto = (2) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal rates = gamma ngammacat = 4;
```

```
lset applyto = (3) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal rates = gamma ngammacat = 4;
```


lset applyto = (4) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = invgamma ngammacat = 4;
 lset applyto = (5) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = invgamma ngammacat = 4;
 lset applyto = (6) nst = 1 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = gamma ngammacat = 4;
 lset applyto = (7) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = invgamma ngammacat = 4;
 lset applyto = (8) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = propinv ngammacat = 4;
 lset applyto = (9) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = gamma ngammacat = 4;
 lset applyto = (10) nst = 6 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = equal ngammacat = 4;
 lset applyto = (11) nst = 2 nucmodel = 4by4 code = universal
 rates = gamma ngammacat = 4;

unlink statefreq = (all) revmat = (all) shape = (all) pinvar =
 (all);

prset applyto = (all) ratepr = variable;

prset applyto = (1) revmatpr = Dirichlet (1.6138, 8.2905,
 1.6138, 1.0, 17.0607, 1.0) shapepr = fixed (0.651) pinvarpr =
 fixed (0.584);

prset applyto = (2) revmatpr = Dirichlet (4.1466, 2.7125,
 4.1466, 1.0, 26.7148, 1.0) shapepr = fixed (0.179);

prset applyto = (3) revmatpr = Dirichlet (1.0, 5.6879, 4.6836,
 4.6836, 5.6879, 1.0) shapepr = fixed (0.029);

```

prset applyto = (4) revmatpr = Dirichlet (1.5582, 12.7133,
1.5582, 1.0, 12.7133, 1.0) shapepr = fixed (2.375) pinvarpr =
fixed (0.071);
prset applyto = (5) revmatpr = Dirichlet (1.0, 1.4198, 1.0, 1.0,
20.7656, 1.0) shapepr = fixed (0.201) pinvarpr = fixed (0.645);
prset applyto = (6) shapepr = fixed (0.029);
prset applyto = (7) revmatpr = Dirichlet (0.9386, 10.3088,
2.1205, 0.5725, 10.3088, 1.0) shapepr = fixed (2.04) pinvarpr =
fixed (0.014);
prset applyto = (8) revmatpr = Dirichlet (1.0, 5.2307, 1.0, 1.0,
3.8414, 1.0) pinvarpr = fixed (0.119);
prset applyto = (9) revmatpr = Dirichlet (1.8509, 5.1403,
1.1403, 0.7208, 5.1403, 1.0) shapepr = fixed (1.025);
prset applyto = (10) revmatpr = Dirichlet (3.4956, 11.1989, 1.0,
3.4956, 23.1054, 1.0);
prset applyto = (11) tratio = fixed (2.7807) shapepr = fixed
(0.49);

mcmcp ngen = 10000000 nruns = 2 nchains = 4 temp = 0.2
swapfreq = 1 samplefreq = 1000 savebrlens = yes ordertaxa =
no printfreq = 1000;
mcmc;

sumt relburnin = yes burninfrac = 0.25 contype = halfcompat
showtreeprobs = no;

end;

```

ANEXOS

ANEXO I

Protocolo de Precipitação de DNA com PEG — Limpeza do Produto da PCR

1. Adicionar no mesmo tubo que saiu do termociclador (tubo de 0,2 mL) igual volume de PEG para volume de DNA (geralmente **24 µL**) Lembrar sempre de limpar a ponteira no vidro de PEG, tirando o excesso do produto, pois é muito viscoso;
2. Incubar 30 min em banho-maria a 37°C (ou em termociclador);
3. Centrifugar 15 min a 12.000 rpm / 45min a 3700 rpm. Não se esquecer de organizar os tubos de uma forma que você saiba onde estaria o *pellet* (e.g. o lado da dobra da tampa voltado para fora);
4. Descartar o sobrenadante com pipeta programada para volume maior (e.g. 100 µl). A ponta da ponteira deve ir até o fundo do tubo do lado em que o *pellet* não estaria e sugar lentamente, aproveitando a tensão-coesão do pouco volume para retirar o máximo que conseguir. (Se seguiu a opção dada no passo 3, deve posicionar ao fundo do lado de abertura da tampa do *ependorf*, como ilustrado ao lado);
5. Adicionar 125 µl de etanol 70% gelado;
6. Centrifugar 5 min a 12.000 rpm / 20-25 min a 3700 rpm;

7. Descartar todo o líquido virando no papel toalha, mas se ver que não está funcionando repita o passo 4;
8. Repetir limpeza com etanol e retirar sobrenadante (passos 5 a 7), descartar no papel toalha deve funcionar dessa vez;
9. Secar no banho seco por 30-60 min a 45°C, até que não haja vestígios de etanol;
10. Ressuspender em água Mili-Q (água ultrapura) com cerca de 10-15 µl, na geladeira em *overnight* ou a 45°-50°C no termociclador ou banho seco por 30min;
11. Analisar (1 µL) em gel de agarose junto com o marcador de massa molecular (DNA *ladder*) para estimar a quantidade de DNA.

Preparação do PEG 20%

Para 50 ml

- **10g** de polietileno glicol 8,000;
- **7,3 g** de NaCl (2,5M);
- Adicionar **40 mL** de água;

- Mexer com barra magnética (“bailarina” ou “peixe”) em agitador magnético aquecido, deixando o PEG em solução (~20 min). Preencher até **50 mL**.

ANEXO II**LSU (~1h 37min)**

95 °C 2 min	Desnaturação inicial
95 °C 30 s	
50 °C 30 s	30 ciclos
72 °C 1 min	
72 °C 10 min	Extensão final
10 °C	Resfriamento e acondicionamento até a retirada das amostras

ITS (~1h 34min)

95 °C 2 min	Desnaturação inicial
-------------	----------------------

Etapa 1

95 °C 30 s	
60 °C 30 s	5 ciclos
72 °C 1 min	

Etapa 2

95 °C 30 s	
55 °C 30 s	25 ciclos
72 °C 1 min	
72 °C 10 min	Extensão final

10 °C Resfriamento e acondicionamento até a retirada das amostras

TEF1-alpha (~2h 15min)

94 °C 2 min Desnaturação inicial

Etapa 1 (temperatura decrescente) – 10 ciclos

94 °C 30 s

66 °C 30 s inicial

57 °C 30 s final

72 °C 1 min

Etapa 2 – 36 ciclos

94 °C 30 s

56 °C 30 s

72 °C 1 min

72 °C 10 min Extensão final

10 °C Resfriamento e acondicionamento até a retirada das amostras

RPB2 (~3h 45min)

94 °C 2 min Desnaturação inicial

Etapa 1 (temperatura decrescente) – 8 ciclos

94 °C	40 s	
60 °C	40 s	inicial
53 °C	40 s	final
72 °C	2 min	

Etapa 2 – 36 ciclos

94 °C	45 s
56 °C	1 min 30 s
72 °C	2 min

72 °C	10 min	Extensão final
-------	--------	----------------

10 °C	Resfriamento e acondicionamento até a retirada das amostras
-------	---

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMALFI M, YOMBIYENI P, DECOCK C. 2010. ***Fomitiporia* in sub-Saharan Africa: morphology and multigene phylogenetic analysis support three new species from the Guineo-Congolian rainforest.** *Mycologia* 102(6): 1303-1317.
- AMALFI M, DECOCK C. 2013. ***Fomitiporia castilloi* sp. nov. and multiple clades around *F. apiahyna* and *F. texana* in Meso- and South America evidenced by multiloci phylogenetic inferences.** *Mycologia* 105(4): 873-887.
doi:10.3852/11-423.
- AMALFI M, RAYMUNDO T, VALENZUELA R, DECOCK C. 2012. ***Fomitiporia cupressicola* sp. nov., a parasite on *Cupressus arizonica*, and additional unnamed clades in the southern USA and northern Mexico, determined by multilocus phylogenetic analyses.** *Mycologia* 104(4): 880-893.
- AMALFI M, ROBLEDO G, DECOCK C. 2014. ***Fomitiporia baccharidis* comb. nov., a little known species from high elevation Andean forests and its affinities within the *Fomitiporia* Neotropical lineages.** *Mycological Progress*.
doi: 10.1007/s11557-014-0995-x.
- BLACKWELL M. 2011. **The Fungi: 1, 2, 3 .. 5.1 million species?** *American Journal of Botany*, 98(3): 426–438.
- CAMPOS-SANTANA M, AMALFI M, ROBLEDO G, SILVEIRA RMB, DECOCK, C. 2013. ***Fomitiporia neotropica*, a new species from South America evidenced by multilocus phylogenetic analyses.** *Mycological Progress*: 1-15.
- CAMPOS-SANTANA M, ROBLEDO G, DECOCK C, SILVEIRA, R.M.B. 2015. **Diversity of the Poroid Hymenochaetaceae (Basidiomycota) from the Atlantic Forest and Pampa in Southern Brazil.** *Cryptogamie, Mycologie*, 36(1): 43-78.
- CANNON P.F., KIRK P.M.. 2007. **Fungal families of the world.** CABI Publishing, U.K. 167-168.

- M. CLOETE & M. FISCHER & L. MOSTERT & F. HALLEEN. 2014. **A novel *Fomitiporia* species associated with esca on grapevine in South Africa.** Mycol. Progress 13: 303-311.
- CORNER E.J.H. 1991. **Ad Polyporaceas VII.** Beihefte zur Nova Hedwigia 101: 1-175.
- CUNNINGHAM G. 1947. **Notes on the classification of the Polyporaceae.** New Zealand Journal of Science and Technology 28: 238-251.
- DAI Y-C. 1999. **Phellinus sensu lato (Aphylophorales, Hymenochaetaceae) in East Asia.** Acta Botanica Fennica 166: 1-115.
- DAI Y-C, CUI B-K, DECOCK C. 2008. **A new species of *Fomitiporia* (Hymenochaetaceae, Basidiomycota) from China based on morphological and molecular characters.** Mycological Research 112: 375-380.
- DARRIBA, D.; TABOADA, G.L.; DOALLO, R.; POSADA, D. 2012. **jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing.** Nature Methods 9(8): 772.
- DECOCK, C.; BITEW, A.; CASTILLO, G. 2005. ***Fomitiporia tenuis* and *Fomitiporia aethiopica* (Basidiomycetes, Hymenochaetales), two undescribed species from the Ethiopian highlands: taxonomy and phylogeny.** Mycologia 97(1): 121-129.
- DECOCK, C; FIGUEROA, S. H; ROBLEDO, G; CASTILLO, G. 2007. ***Fomitiporia punctata* (Basidiomycota, Hymenochaetales) and its presumed taxonomic synonyms in America: taxonomy and phylogeny of some species from tropical/subtropical areas.** Mycologia, 99(5): 733–752.
- DENTINGER, B.T.M.; MARGARITescu, S.; MONCALVO, J.M. 2010. **Rapid and reliable high-throughput methods of DNA extraction for use in barcoding and molecular systematics of mushrooms.** Molecular Ecology Resources, 10: 628–633.
- DOYLE, J.J; DOYLE, J.L. 1987. **A rapid isolation procedure for small quantities of fresh tissue.** Phytochemical Bulletin, 19: 11-15.

- DRECHSLER-SANTOS, E.R.; GROPOSO, C.; LOGUERCIO-LEITE, C. 2008. **Additions to the knowledge of lignocellulolytic basidiomycetes in forests from Santa Catarina, Southern Brazil.** Mycotaxon 103: 197-200.
- FIASSON, J.L.; NIEMELÄ, T. 1984. **The Hymenochaetales: a revision of the European poroid taxa.** Karstenia 24: 14-28.
- FISCHER, M. 1996. **On the species complexes within *Phellinus*: *Fomitiporia* revisited.** Mycological Research 100(12): 1459-1467.
- FISCHER, M. 2002. **A new wood-decaying Basidiomycetes species associated with esca of grapevine: *Fomitiporia mediterranea* (Hymenochaetales).** Mycological Progress 1:315–324.
- FISCHER, M.; BINDER, M. 2004. **Species recognition, geographic distribution and host-pathogen relationships: a case study in a group of lignicolous basidiomycetes, *Phellinus* s.l.** Mycotaxon, 96(4): 799-811.
- GILBERT, S.G.; FERRER, A. CARRANZA, J. 2002. **Polypore fungal diversity and host density in a moist tropical forest.** Biodivers Conserv 11: 947–957.
- GÓES-NETO, A; LOGUERCIO-LEITE, C; GUERRERO, RT. 2005. **DNA extraction from frozen field-collected and dehydrated herbarium fungal basidiomata: performance of SDS and CTAB-based methods.** Biotemas, 18(2): 19-32
- GROPOSO, C.; LOGUERCIO-LEITE, C. 2002. **Fungos poliporoides xilófilos (Basidiomycetes) da Reserva Biológica Tancredo Neves, Cachoeirinha, Rio Grande do Sul, Brasil.** Iheringia, Série Botânica 57(1): 39-59.
- GRAF-PETERS, L.V.; LOPES-ANDRADE, C.; SILVEIRA, R.M.B.; MOURA, L.A.; RECK, M.A.; DE SÁ, F.N. 2011. **Host Fungi and Feeding Habits of Ciidae (Coleoptera) in a Brazil, with an Overview of Host Fungi of Neotropical Ciids.** Florida Entomologist 94(3): 553-566.
- GUINDON, S.; GASCUEL, O. 2003. **A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood.** Syst Biol, 52: 696–704.

- HANSEN, L.; KNUDSEN, H. 1997. Nordic Macromycetes. Vol. 3. **Heterobasidioid, aphylophoroid and gastromycetoid basidiomycetes.** Nordsvamp, Copenhagen.
- HAWKSWORTH, D. L. 2004. **Fungal Diversity and its implications for genetic resource collections.** Studies in Mycological, 50: 9-18.
- HUHDORF, S.M; LODGE, D. J.; WANG, C.J; STOKLAND, J.N. 2004. **Macrofungi on woody substrata. Biodiversity of fungi: inventory and monitoring methods.** Elsevier Academic Press: 159 – 163.
- JAHN, H. 1981. **Die resupinaten Phellinus-Arten in Mitteleuropa mit Hinweisen auf die resupinaten Inonotus-Arten und Poria expansa (Desm.) [Polyporus megaloporus Pers.].** Bibliotheca Mycologica 81: 37±151.
- JESUS, M.A. 2012. **Estudo comparativo de ocorrência de macrofungos patógenos em essências florestais de diferentes áreas da Amazônia Brasileira.** Tropical Plant Pathology 37 (Suplemento): 220-225. In. 45° Congresso Brasileiro de Fitopatologia - Manaus, AM.
- KATOH, K.; STANDLEY, D.M.2013. **MAFFT. multiple sequence alignment software 7: improvements in performance and usability.** Mol Bio Evol 30: 772–780.
- KORNERUP A, WANSCHER JH. 1981. Methuen handbook of color. 3rd ed. 282 p.
- LARSEN, M.J; COUBB-POULLE, L.A. 1990. **Phellinus (Hymenochaetaceae). A survey of the world taxa.** Oslo, Fungiflora.
- LARSSON, K.H., PARMASTO, E., FISCHER, M., LANGER, E., NAKASONE, K. & REDHEAD, S. (2006) **Hymenochaetales: a molecular phylogeny for the hymenochaetoid clade.** Mycologia 98: 926–936.
<http://dx.doi.org/10.3852/mycologia.98.6.926>
- LIRA, C.R.S.; NOGUEIRA-MELO, G.S.; RYVARDEN, L.; GIBERTONI, T.B. 2016. **A checklist of Hymenochaetaceae from Northeast Brazil.** Mycotaxon 130: 1-9.

- LOGUERCIO-LEITE, C.; JOSUÉ, M.; BALTAZAR, J.M. 2008. **New records of lignocellulolytic basidiomycetes (Fungi): Parque Estadual da Serra do Tabuleiro (P.E.S.T.), Santa Catarina, Brazil.** *Biotemas* 21(3): 7-14.
doi: 10.5007/2175-7925.2008v21n3p7.
- LOGUERCIO-LEITE, C. WRIGHT, J.E. 1991. **Contribution to a biogeographical study of the Austro-American xylophilous polypores (Aphyllphorales) from Santa Catarina, SC, Brazil.** *Mycotaxon* 41: 161–166.
- LOGUERCIO-LEITE, C. WRIGHT, J.E. 1995. **The genus *Phellinus* (Hymenochaetaceae) on the island of Santa Catarina, Brazil.** *Mycotaxon* 54: 361–388.
- LOWE, J.L. 1957. Polyporaceae of North America. **The genus *Fomes*. Syracuse, State University College of Forestry, Syracuse University.** 97 p.
- MATHENY PB, WANG Z, BINDER M, CURTIS JM, LIM YW, NILSSON RH, HUGHES KW, HOFSTETTER V, AMMIRATI JF, SCHOCH CL, LANGER GE, MCLAUGHLIN DJ, WILSON AW, FRØSLEV T, GE ZW, KERRIGAN RW, SLOT JC, VELLINGA EC, LIANG ZL, BARONI TJ, FISCHER M, HOSAKA K, MATSUURA K, SEIDL MT, VAURA J, HIBBETT DS, 2007. **Contributions of *rpb2* and *tef1* to the phylogeny of mushrooms and allies (Basidiomycota, Fungi).** *Molecular Phylogenetics and Evolution* in press.
- MILLER, M. A., PFEIFFER, W. AND SCHWARTZ, T.(2011) “**The CIPRES science gateway: a community resource for phylogenetic analyses**”. In Proceedings of the 2011 TeraGrid Conference: Extreme Digital Discovery, (Salt Lake City, July 17, 2011). 41:1-8.
- MURRILL, W.A. 1907. **(Agaricales) Polyporaceae. North American Flora** 9: 1-131.
- OLSON DM, DINERSTEIN E, WIKRAMANAYAKE ED, BURGESS ND, POWELL GVN, UNDERWOOD EC, D’AMICO JA, ITOUA I, STRAND H, MORRISON JC, LOUCKS CJ, ALLNUTT TF, RICKETTS TH, KURA Y, LAMOREUX JF,

WETTENGELWW, HEDAO P, KASSEM KR. 2001.

Terrestrial ecoregions of the world: a new map of life on earth. *BioScience* 51: 933–938.

doi:10.1641/0006-3568(2001) 051

QUAEDVLIEG, W.; BINDER, M.; GROENEWALD, J.Z.;
SUMMERELL, B.A.; CARNEGIE, A.J.; BURGESS, T.I.;
CROUS, P.W. 2014. **Introducing the Consolidated Species
Concept to resolve species in the Teratosphaeriaceae.**

Persoonia 33: 1-40.

doi: 10.3767/003158514X681981.

RAJCHENBERG, M.; WRIGHT, J.E. 1987. **Type Studies of
Corticaceae and Polyporaceae (Aphylophorales) Described
by C. Spegazzini.** *Mycologia*, 79(2): 246–264.

RAMBAUT A, SUCHARD MA, XIE D & DRUMMOND AJ (2014)
Tracer v1.6, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>

RAYMUNDO, T.; DECOCK, C.; AMALFI, M.; VALENZUELA, R.;
CIFUENTES, J.; PECHCO-MOTA, L. 2012. **New records of
the genus *Fomitiporia* (Hymenochaetales, Basidiomycota) in
Mexico.** *Rev Mex Biodivers* 83: 313–328.

REID, D.A. 1963. **New or interesting records of Australasian
Basidiomycetes V – Aphylophorales.** *Kew Bulletin* 17(2): 267-
308.

ROBLEDO, G.; URCELAY, C.; DOMÍNGUEZ, L.; RAJCHENBERG,
M. 2006. **Taxonomy, ecology, and biogeography of polypores
(Basidiomycetes) from Argentinian Polylepis woodlands.** *Can.
J. Bot.* 84: 1561-1572. doi:10.1139/B06-109.

RONQUIST F., TESLENKO M., VAN DER MARK P., AYRES D.L.,
DARLING A., HÖHNA S., LARGET B., LIU L., SUCHARD
M.A., HUELSENBECK J.P. 2012. **MrBayes 3.2: efficient
Bayesian phylogenetic inference and model choice across a
large model space.** *Syst. Biol.* 61: 539-542.

RYVARDEN, L. 1991. **Genera of Polypores. Nomenclature and
taxonomy.** *Synopsis Fungorum* 5.Oslo: FungiFlora. 363 p.

RYVARDEN, L. 2004. **Neotropical polypores Part 1.** *Synopsis
Fungorum* 19. Fungiflora.

- RYVARDEN, L. GILBERTSON R.L. 1994. **European polypores 2. *Meripilus–Tyromyces***. Synopsis Fungorum 7. Oslo: FungiFlora. p 392–743.
- RYVARDEN, L.; DE MEIJER, A.A.R. 2002. **Studies in Neotropical Polypores 14. New species from the State of Paraná, Brazil**. Synopsis Fungorum 15. Oslo: FungiFlora: 34–69.
- SILVEIRA, R.M.B.; RECK, M.A.; GRAF-PETERS, L.V.; DE SÁ, F.N. 2008. **Polypores from a Brazilian pine forest in Southern Brazil: pileate species**. Hoehnea 35(4): 619-630.
- SPEGAZZINI, C. 1887. **Fungi Patagonici**. Boletín de la Academia Nacional de Ciencia en Córdoba: 438-439.
- STAMATAKIS, A. 2014. **RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies**. Bioinformatics 30(9): 1312-1313.
doi: 10.1093/bioinformatics/btu033.
- TAYLOR, D.L.; HOLLINGSWORTH, T.N.; MCFARLAND, J.W.; LENNON, N.J.; NUSBAUM, C.; RUESS, R.W. 2014. **A first comprehensive census of fungi in soil reveals both hyperdiversity and fine-scale niche partitioning**. Ecological Monographs 84(1): 3–20.
- TAYLOR, J.W.; JACOBSON, D.J.; KROKEN, S.; KASUGA, T.; GEISER, D.M.; HIBBETT, D.S.; FISHER, M.C. 2000. **Phylogenetic Species Recognition and Species Concepts in Fungi**. Fungal Genetics and Biology 31: 21–32.
- TAYLOR, J.W.; TURNER, E.; TOWNSEND, J.P.; DETTMAN, J.R.; JACOBSON, D. 2006. **Eukaryotic Microbes, Species Recognition and the Geographic Limits of Species: Examples from the Kingdom Fungi**. Philosophical Transactions: Biological Sciences 361(1475): 1947-1963.
- TEIXEIRA, A.R. 1995. **Método para estudo das hifas do basidiocarpo de fungos poliporáceos**. Manual nº 6. Instituto de Botânica, São Paulo.
- TERASHIMA, Y. 2013. **Physiological characteristics of the trunk sap rot pathogen *Fomitiporia* sp. on the “Sanbu-sugi” cultivar of *Cryptomeria japonica***. Mycoscience 54: 171-177.

- THIERS, B. 2016 [continuously updated] Index herbariorum: **A global directory of public herbaria and associated staff**. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. Available from: <http://sweetgum.nybg.org/ih/>.
- VILGALYS LAB, Duke University 2014. **Conserved primer sequences for PCR amplification and sequencing from nuclear ribosomal RNA**. Available from: <http://sites.biology.duke.edu/fungi/mycolab/primers.htm>.
- VLASÁK, J.; KOUT, J. 2011. **Pileate *Fomitiporia* species in the USA. New combinations *Fomitiporia calkinsii* and *F. bakeri***. Mycological Progress 10: 445–452.
- WAGNER, T.; FISCHER, M. 2001. **Natural groups and a revised system for the European poroid Hymenochaetales (Basidiomycota) supported by nLSU rDNA sequence data**. Mycological Research 105(7): 773-782.
- WAGNER, T.; FISCHER, M. 2002. **Proceedings towards a natural classification of the worldwide taxa *Phellinus s.l.* and *Inonotus s.l.*, and phylogenetic relationships of allied genera**. Mycologia, 94(6): 998-1016.
- WRIGHT J. E.; BLUMENFELD S. N. 1984. **New south american species of *Phellinus* (Hymenochaetaceae)**. Mycotaxon 21: 413-425.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS E RECOMENDAÇÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

A investigação das espécies pileadas de *Fomitiporia* e suas relações, permitiram-nos encontrar várias linhagens distintas. As linhagens relacionadas ao complexo, à *Fomitiporia apiahyna* s.l. (e.g. *F. drimyodophila* ad int., *Fomitiporia* sp. 1 e *Fomitiporia* sp. 3) e também aquelas que não se relacionam com nenhum táxon já conhecido no gênero, como as espécies novas descritas no Capítulo II. Muitas dessas linhagens coexistem na mesma área (PNM São Francisco de Assis no centro urbano de Blumenau/SC), tais como; *F. atlantica*, *F. subtilissima*, *F. apiahyna sensu* Amalfi & Decock e *Fomitiporia* sp. 7. O que nos chama a atenção para a preservação dos fragmentos de mata, mesmo que sejam urbanos, pois os fragmentos podem compreender uma diversidade desconhecida e devem ser melhor explorados.

Dentre os nove clados identificados, três hipóteses de espécies novas receberam o tratamento taxonômico adequado para serem apresentadas. Os demais clados carecem de mais espécimes e informações sobre hospedeiro e/ou sequências de DNA para serem adequadamente estudados e propostos como novidades científicas. Trabalho este, que será desenvolvido em trabalhos subsequentes.

Ainda, dentre os espécimes pileados amostrados e/ou revisados, há 13 deles (FLOR 32336, FLOR 48519, FLOR 52834, FURB47565, HUEFS 61517, HUEFS 132193, HUEFS 132285, SP 466200, SP 416199, FLOR 58594, FLOR 58597, FLOR 58576 e FLOR 58581) que foram parcialmente analisados, porém não foram apresentados como resultado

neste estudo. São materiais que precisam de mais estudos, coletas e a necessidade de acesso aos dados moleculares e ecológicos. Importante ressaltar que são novidades em potencial. Os espécimes de *F. robusta* (\equiv *Phellinus robustus*) dos registros de ocorrência no Brasil, não revisados neste trabalho devem ser analisados criticamente.

A constatação de que as características morfológicas são pouco discriminativas entre as espécies do gênero permaneceram dificultando o trabalho taxonômico. Esse foi um dos motivos pelo qual não foi utilizado por si só o conceito morfológico de espécie. No entanto, considerando a possibilidade de estarmos acessando as espécies durante algum momento do processo de especiação, é provável encontrá-las, por exemplo, sem o total isolamento reprodutivo e também com a ausência de diferenciação morfológica. Já, as informações contidas no DNA são totalmente herdáveis e nos auxiliaram no entendimento das relações filogenéticas entre os organismos. Além das informações ecológicas, como hábitat e hospedeiro, que são essenciais para o conhecimento das espécies. Como observado neste trabalho, os registros de *F. drimydochila* ad int. ocorrendo em *Drimys angustifolia* (Winteraceae) e *Fomitiporia* sp. 1 (FLOR 58550) em *Matayba guianensis* (Sapindaceae).

Dessa forma, é recomendado que a utilização de todas as ferramentas e dados (ex.: nrITS, nrLSU, *tefl- α* e *rpb2*) possíveis seja uma prática comum e qualificada para o entendimento taxonômico deste grupo de fungos. E como dito durante todo o trabalho e em outros estudos de referência, os dados morfológicos, ecológicos e moleculares são essenciais para entender os limites das espécies e como elas se relacionam.

Ainda, posso acrescentar considerando a frase do início da dissertação—*A verdadeira viagem de descobrimento não consiste em procurar novas paisagens, mas em ter novos olhos*—apoiado na dificuldade de discriminar morfológicamente as espécies, tenho como objetivo o comprometimento de buscar novas ferramentas, caracteres e estados de caractere para melhor compreender o processo de especiação. Como diferenças nas hifas (e.g. avaliar uma possível utilidade taxonômica do caractere “inchaços” nas hifas, como observado no isótipo de *F. apiahyna*) e composição do sistema hifal, elementos estéreis e acerca das diferenças que possam existir, nos diferentes pontos espaciais de referência para ilustração dos basidiósporos.

Outra recomendação específica, em relação ao complexo de espécies *Fomitiporia apiahyna*, é a de investir mais tempo e recursos para realizar expedições de coleta na região de Apiaí-SP, no intuito de ter sucesso na amostragem e sequenciamento de espécimes com morfologia igual ao do holótipo e, por consequência, a determinação de *F. apiahyna sensu stricto*. Também, há a necessidade de realizar uma revisão detalhada dos holótipos de *F. apiahyna* e *Phellinus elegans*, já que os dados obtidos para este estudo indiretamente foram realizados apenas por observações de fotos e dados micro morfológicos de observações de colegas. Com isso, seria possível testar a hipótese de que *Phellinus elegans* seja uma espécie distinta de *F. apiahyna*, rejeitando por tanto a sinonímia. Sobre *F. drimydophila* ad int., é evidente a necessidade de realizar coletas em outras Matas Nebulares no sudeste e sul do Brasil com o objetivo de compreender melhor as relações com seu hospedeiro e distribuição da espécie, tendo

em vista, por exemplo, a coexistência de *Drimys angustifolia* Miers e *D. brasiliensis* Miers.

Por fim, acredito que ainda possam existir distintas linhagens que representem novidades científicas, correspondentes morfológicamente ou não ao complexo *F. apiahyna*. Portanto, diante dessa perspectiva de novas linhagens nas filogenias, é de extrema importância que os quatro marcadores continuem sendo utilizados, no intuito de obter hipóteses mais robustas acerca das relações e limites dos táxons.