

Suane de Oliveira Souza Brasil¹
Laís Dieb Lima Marques²
Laís Pinto Rocha¹
Karina Soardi²
Nicole Tavares Vermohlen³
Regimara Francisca Bernardo Da Silva¹

RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA DE 58 ISOLADOS DA ORDEM ERYSIPHALES COM ÊNFASE EM ESPÉCIES DE *Erysiphe*

Resumo: As análises filogenéticas associadas à biologia molecular estão crescendo em importância para a reclassificação de várias espécies biológicas tais como os fungos, principalmente aqueles que possuem as fases teleomorfa e anamorfa, dado que esse tipo de análise se constitui em um diferencial para identificações de espécies e análises de origem genética de materiais. Nesse sentido, dada a importância do gênero *Erysiphe* no meio fitossanitário e seu impacto em diversas culturas, esta pesquisa visou avaliar 58 isolados de hospedeiros distintos, todos pertencentes ao gênero *Erysiphe*. Para atingir este objetivo, foi conduzida a análise de máxima parcimônia, tendo sido coletadas sequências de DNA na base de dados GenBank, padronizados em 349 pares de bases, alinhadas e editadas nos programas Clustal W e Bioedit e, por fim, foram geradas árvores no programa PAUP 4.0. Os achados da pesquisa demonstram a criação de uma árvore que dividiu os 58 isolados em três clados e monofiléticos, demonstrando a proximidade genética que existe entre os isolados. Implicações dessas classificações e suas possíveis aplicações são discutidas.

Palavras-chave: filogenia, bioinformática, máxima parcimônia.

*PHYSIOLOGICAL RECONSTRUCTION OF 58 ISOLATES OF THE ORDER ERYSIPHALES WITH EMPHASIS IN SPECIES OF *Erysiphe**

*Abstract: Phylogenetic analysis associated to molecular biology are relevant for reclassification of a plethora of fungal species, specially microorganisms with teleomorphic and anamorphic phases, since they're becoming an important way to identify and analyze the genetic origin of materials. In this sense, given *Erysiphe* gender's importance in phytosanitary area and its impact on several crops, the research evaluated 58 distinct isolates, all from *Erysiphe* gender. To fulfill this goal, a maximum parsimony analysis were conducted having been collected DNA sequences from GenBank, standardized in 349 couples of basis, aligned and edited on Clustal W and Bioedit programs and also were generated a phylogenetical tree on PAUP 4.0. The main finding shows a tree which divided all 58 isolates in three blocks and monophyletics, demonstrating the existence of genetic proximity among the isolates. Implications of those classifications and possible applications are discussed.*

Key words: *phylogeny, bioinformatics, maximum parsimony.*

¹ Mestranda em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará

² Mestranda em Produção Vegetal, Universidade do Estado de Santa Catarina

³ Graduanda em Agronomia, Universidade do Estado de Santa Catarina

INTRODUÇÃO

De modo geral, o gênero de fungos *Erysiphe*, que está dentro do filo Ascomycota, é composto por fitopatógenos biotróficos, ou seja, micro-organismos que apresentam requerimentos nutricionais específicos que os fazem ser dependentes do hospedeiro vivo para sobreviver (BERGAMIN FILHO; REZENDE; AMORIM, 2011). As espécies que compõem o gênero *Erysiphe* são responsáveis por inúmeros os danos ocasionados as plantas, mas raramente as matam, entretanto, os infortúnios econômicos para o produtor agrícola transcendem as perdas causadas por qualquer outro tipo único de doença de plantas (AGRIOS, 2005). Seus principais sintomas e sinais são caracterizados por lesões aveludadas de coloração branca ou cinza na forma de um pó pulverulento no tecido vegetal, sendo estas mais comuns nas partes aéreas da planta, principalmente nas folhas prejudicando a atividade fotossintética, mas dependendo do estágio da doença ou da agressividade do patógeno é possível encontrá-lo em frutos, hastes, brácteas, caules, maturis, inflorescências, flores (CARDOSO et al., 2013; FREIRE et al., 2002; ALMEIDA; MACHADO; PANIZZI, 1981).

Este gênero possui dois ciclos reprodutivos, sexual e assexual (AGRIOS, 2005). Tal situação, até pouquíssimo tempo, gerava distorções na identificação e classificação de fitopatogenos, pois quando analisados apenas morfológicamente, único procedimento possível durante muito tempo, gerava nomes distintos ao mesmo micro-organismo, pois morfológicamente eram distintos, mas a nível de ácido desoxirribonucleico (DNA), iguais. Além disso, sua taxonomia é considerada complexa e repleta de dificuldades, devidos à semelhanças com outros gêneros na sua fase assexual (STADNIK; RIVERA, 2001). Desse modo, com a descoberta do DNA em 1953, os avanços de técnicas e os atuais equipamentos disponibilizadas na área de biologia molecular têm possibilitado pesquisas que geram descobertas jamais imaginadas até pouco tempo. Assim, os equívocos ocorridos anteriormente estão sendo corrigidos e novas informações estão sendo geradas à comunidade científica nas mais diversas áreas do conhecimento, principalmente, na Fitopatologia Molecular.

Nesse sentido, os estudos filogenéticos são importantes, pois auxiliam no posicionamento do pesquisador quanto a origem genética do material em estudo. O uso dessa técnica vem demonstrando suas qualidades, versatilidades e atribuições, diariamente.

Além disso, como as respostas são obtidas através de análises de agrupamentos genéticos, é possível ter confiabilidade na mensagem repassada, visto que essas comparações são a nível de DNA, e muitas elucidações e questionamentos são trazidos à tona após um estudo filogenético, carregando consigo questionamentos que se tornam perguntas de pesquisa diárias para o meio científico (BERBARA et al., 2006)

Por fim, esta pesquisa visou realizar uma análise filogenética de máxima parcimônia a fim de reconstruir a filogenia de 58 isolados da ordem Erysiphales com ênfase em espécies de *Erysiphe*.

METODOLOGIA

OBTENÇÃO DE SEQUÊNCIAS DE DNA

As sequências foram extraídas da base de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), sequências de DNA dos genes ITS1, ITS2, 5.8S, 28S e 18S, que foram previamente depositadas no GenBank pelos autores descritos na Tabela 1.

ALINHAMENTO

Em seguida, foram gerados alinhamentos múltiplos das sequências nucleotídicas de 58 espécies filogenéticas de *Erysiphe*, sendo estes provenientes de diferentes países, utilizando-se o programa ClustalW. Os ajustes nos alinhamentos foram realizados utilizando o programa BioEdit. Após realizados os cortes e seleções na fita de DNA, foi estabelecido para o alinhamento o padrão de 349 bases nitrogenadas para as 58 espécies em avaliação.

ANÁLISE FILOGENÉTICA

A análise de máxima parcimônia foi realizada no programa PAUP 4.0 versão beta 10. As opções selecionadas para a análise de máxima parcimônia foram: buscas heurísticas, *tree-bisection-reconnection* (TBR), *branch swapping* e MULTREES. Cada *gap* foi considerado como um quinto caractere nas análises (*newstate*). As análises de *bootstrap* foram realizadas com 100 repetições. Os índices de consistência (IC) e de retenção (IR) foram estimados nas análises. Além disso, como *outgroup* da árvore nas análises, foi utilizado o *Phyllactinia* sp. (AB080415). As árvores filogenéticas geradas foram visualizadas no programa TreeView.

Tabela 1 – Isolados, referências e códigos de acesso depositados no *Genbank*.

Table 1 - Isolates, references and access codes deposited at *Genbank*.

Nome científico		Região						Cód. Acesso	Autores
<i>Erysiphe pisi</i>	GH 07 119	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	FJ378872	ATTANAYAKE, R. N. et al.	
<i>Erysiphe convolvuli</i>	UC1512307	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AF011298	SAENZ, Gregory S.; TAYLOR, John W.	
<i>Erysiphe pisi</i>	LI 08-2	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	GU361636	ATTANAYAKE, R. N. et al. E	
<i>Erysiphe berberidicola</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	LC009951	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe quercicola</i>	MUMH 1952	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292689	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe quercicola</i>	VPRI30172	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB237791	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe quercicola</i>	MUMH 1954	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292688	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe alphitoides</i>	MUMH 3178	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292703	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe</i> sp.	MUMH 3269	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292713	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe hypogena</i>	MUMH 3795	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292726	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe epígena</i>	MUMH 1958	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292719	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe hypophylla</i>	MUMH 1290	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292715	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe hypophylla</i>	MUMH 2405	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292716	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe</i> sp.	MUMH 3269	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292713	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe</i> sp.	MUMH 294	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB292712	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe syringae</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015920	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe syringae</i>	MUMH 3792	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB295462	SEKO, Y. et al. MEEBOON, Jamjan;	
<i>Erysiphe liriodendri</i>	MUMH 4666	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB921983	TAKAMATSU, Susumu.	
<i>Erysiphe azaleae</i>	MUMH<JPN>:14 26	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	LC009984	TAKAMATSU, Susumu et al.	
<i>Erysiphe Miranda</i>	MUMH<JPN>:25 61	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	LC010033	TAKAMATSU, Susumu et al.	

<i>Erysiphe aquilegiae</i> <i>var. ranunculi</i>	MUMH12S	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB000944	TAKAMATSU, Susumu; HIRATA, Tetsuya; SATO, Yukio.
<i>Erysiphe macleayae</i>	TPU - 1873	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB016048	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe aquilegiae</i> <i>var. ranunculi</i>	MUMH98	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015929	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe blasti</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015918	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe cornicola</i>	YNMH12992-4	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015924	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe helwingiae</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015916	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe vanbruntiana</i> <i>var. sambuci-</i> <i>racemosae</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015925	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe huayinensis</i>	MUMH30	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015914	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe weigelae</i>	MUMH10s	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015931	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe patagoniaca</i>	BCRU:4337	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378740	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe patagoniaca</i>	MUMH 2508	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378745	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe havrylenkoana</i>	MUMH 2486	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378741	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe nothofagi</i>	BCRU:3868	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378736	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe nothofagi</i>	MUMH 2511	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378746	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe magellanica</i>	MUMH 1473	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378739	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe magellanica</i>	MUMH 2493	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB378742	NIINOMI, Seiko; TAKAMATSU, Susumu; HAVRYLENKO, Maria.
<i>Erysiphe mori</i>	MUMH775	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB000946	TAKAMATSU, Susumu; HIRATA, Tetsuya; SATO, Yukio.
<i>Erysiphe kenjiana</i>	KW 34758F	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB475117	HELUTA, Vasyl et al.
<i>Erysiphe kenjiana</i>	KW 34760F	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB475118	HELUTA, Vasyl et al.
<i>Erysiphe clandestina</i>	MUMH s100	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB475115	HELUTA, Vasyl et al.
<i>Erysiphe kusanoi</i>	MUMH 20	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB475120	HELUTA, Vasyl et al.
<i>Erysiphe clandestina</i>	MUMH 21	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB475116	HELUTA, Vasyl et al.

<i>Erysiphe aphananthes</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB693961	MEEBOON, Jamjan; DIVARANGKON, Rangsi; TAKAMATSU, Susumu.
<i>Erysiphe simulans</i> var. <i>simulans</i>		ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB015926	TAKAMATSU, Susumu et al.
<i>Erysiphe carpnicola</i>	MUMH51	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB252469	BRAUN, Uwe et al.
<i>Erysiphe carpnicola</i>	MUMH3547	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB252468	BRAUN, Uwe et al.
<i>Erysiphe carpnicola</i>	MUMH50	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB252472	BRAUN, Uwe et al.
<i>Erysiphe carpinilaxiflorae</i>	MUMH3640	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB252471	BRAUN, Uwe et al.
<i>Phyllactinia</i> sp.	MUMH893	ITS 1	ITS 2	5.8S	18S	28S	AB080525	TAKAMATSU, Susumu et al.

RESULTADOS

Após as etapas descritas anteriormente foi possível gerar uma árvore filogenética de máxima parcimônia, ilustrada na Figura 1. Na árvore, é possível perceber que existe uma separação bem definida dos 58 isolados em três clados. O primeiro e maior clado contém 38 espécies, o segundo 15 e o menor, quatro isolados. Sendo o primeiro clado o mais próximo do *outgroup* (*Phyllactinia* sp.) e o mais distante geneticamente.

Quanto ao clado I, é possível verificar similaridade genética entre os isolados de *E. polygoni*, *E. arquilegiae* var. *ranunculi*, *E. baliensis*, *E. heraclei*, *E. quercicola*, *E. syringae*, entre o *E. miranda* e *azaleae*, como era esperado. O *E. trifolii* e *E. lespedezae* são iguais geneticamente. Além disso, dois *Erysiphe* sp. foram iguais e um completamente distinto, entretanto igual ao *E. epigena* (AB292619) e irmão do *E. hypogena*. O *E. berberidicola* fica completamente só, assim como o *E. liri dendri*, *E. blasti*, *E. cornicola*. O *E. pisi* fica mais próximo do *E. convolvoli* de que do seu outro isolado (GU361636). Entre os demais há uma relação de proximidade genética.

No clado II as espécies de *E. patagônia* e *E. nothofagi* estão próximas como na análise de Meeboon, Divarangkoon e Takamatsu (2013) e Heluta et al. (2009), se comportando dentro do mesmo clado e como clado irmão. Entretanto o *E. magellanica* encontra-se em um clado distinto neste trabalho. O mesmo, no trabalho de Meeboon, Divarangkoon e Takamatsu (2013), estava no mesmo clado de *E. patagônia* e *E. nothofagi*. Além disso, os isolados de *E. kenjiana* e *E. kurasanoi* demonstram proximidade na origem genética corroborando com a pesquisa de Heluta et al. (2009). Ainda no clado II, as espécies de *E. clandestina* demonstraram uma pequena distância

genética entre elas. O isolado AB475115 ficou mais próximo do *E. kenjiana* e *kusanoi* de que do outro *E. clandestina* e do *E. aphanathes*.

No trabalho de Braum et al., (2006) os isolados apresentam mesmo comportamento que nesta árvore, sendo o AB252469 e o AB252468, posicionados juntos e os outros dois juntos entre eles, mas os quatro fazendo parte de um mesmo clado.

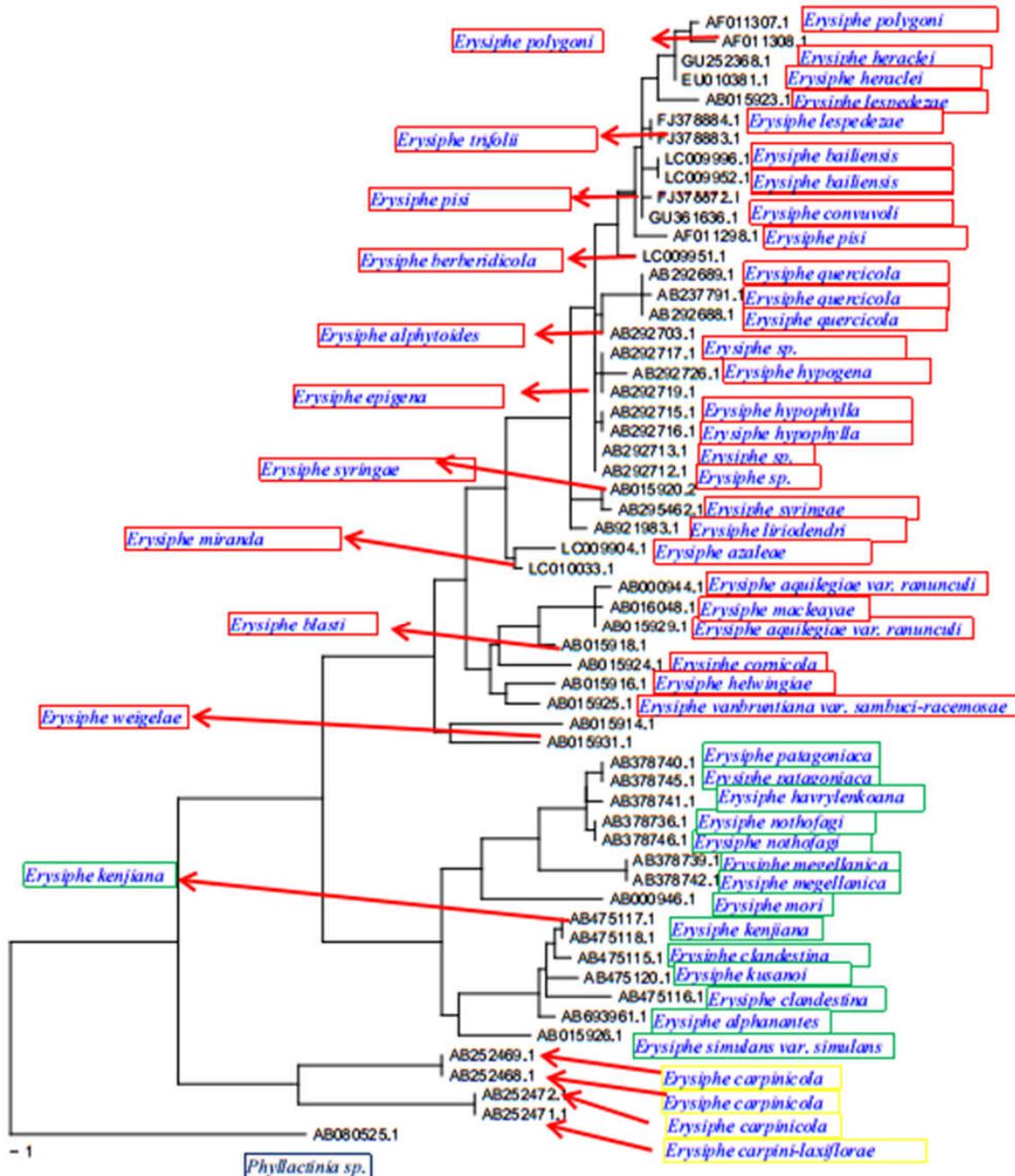


Figura 1 – Árvore de máxima parcimônia de 58 isolados distintos do gênero *Erysiphe*.
Figure 1 - Maximum parsimony tree of 58 distinct isolates of the genus *Erysiphe*.

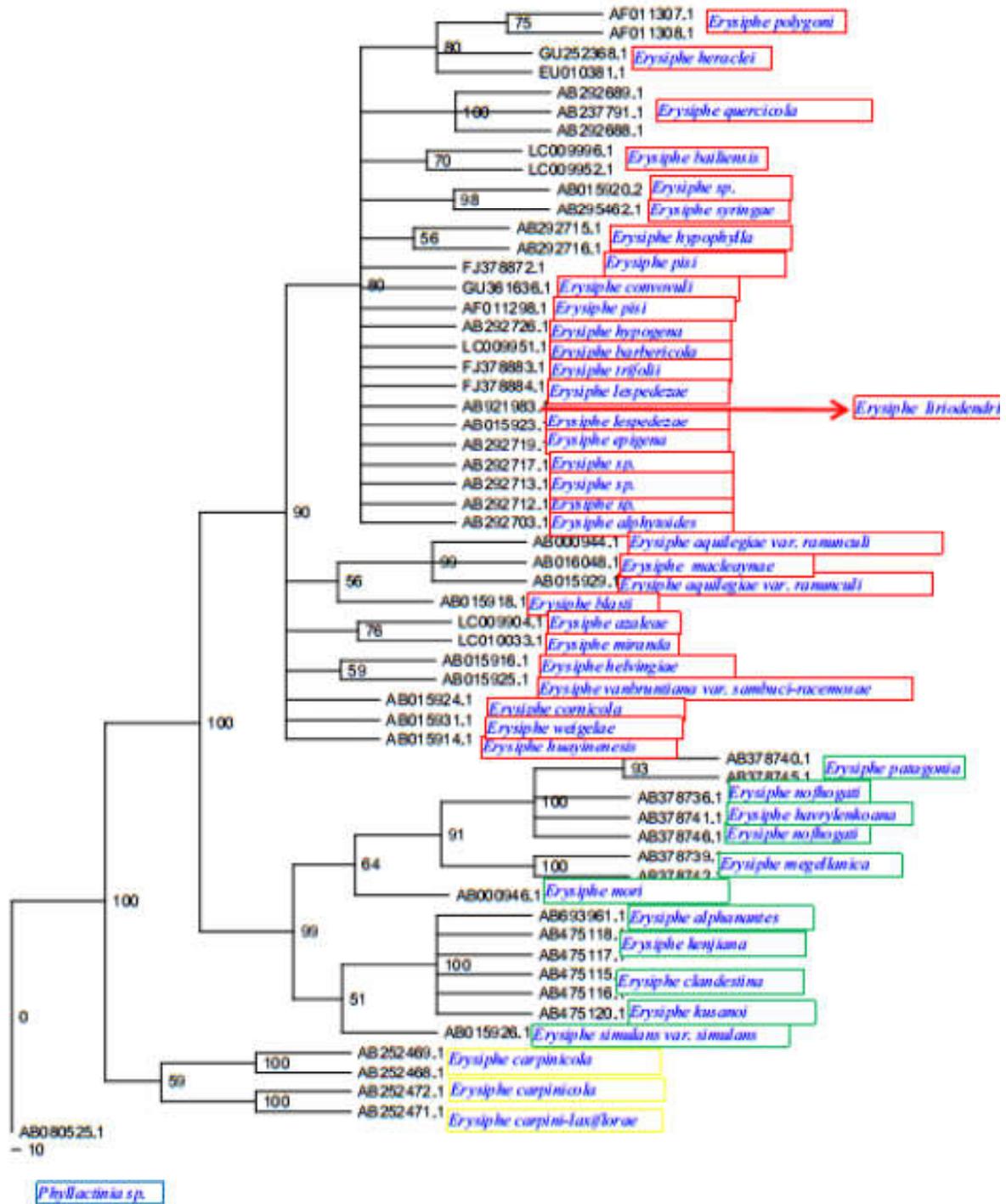


Figura 2 - Árvore de máxima parcimônia de 58 isolados distintos do gênero *Erysiphe* com Bootstrap.
Figure 2 - Tree of maximum parsimony of 58 different isolates of the genus *Erysiphe* with Bootstrap

A árvore com *bootstrap* representada na Figura 2 também apresentou os três clados bem definidos, sem haver migração de isolados. Apenas alterações internas dentro de cada clado. Nesta árvore, foi possível verificar 9 nós com *bootstrap* acima de 95%. Demonstrando muita similaridade entre os isolados associados. Além disso, alguns isolados foram aglutinados em uma mesma distância genética entre eles. Ainda na árvore 2 (Figura 2) as espécies *E. mori*, *E. blasti* e *E. simulans* var. *simulans*, quando comparadas em seus respectivos clados, ficaram totalmente distantes e isoladas das demais espécies.

DISCUSSÃO

Conforme Braun e Takamatsu (2000), *Microsphaera* e *Erysiphe* são agrupados em um clado e não podem ser separados um do outro em filogenia. Eles propuseram combinar os gêneros *Erysiphe*, *Microsphaera* e *Uncinula* em um único gênero, com base em estudos em filogenia molecular e microscopia eletrônica de varredura de conídios (ALMEIDA et al., 2008).

De forma geral, a literatura relata diferenciações entre os clados por meio de características morfológicas que são apresentadas em comum entre os fungos de um mesmo clado. Por exemplo, para Takamatsu et al. (2007) *Erysiphe alphitoides*, é um teleomorfo muito similar ao *E. hypophylla*, possuindo estruturas como cleistotécio e ascos de tamanhos semelhantes. Nesse sentido, é possível verificar neste artigo que o posicionamento de ambas as espécies está no clado I. Além disso, Attanayake (2010), verifica como semelhança entre o *E. pisi* e *E. trifolii*, a presença de apêndice ramificado, clasmotécio e apêndices flexíveis curtos.

Nos trabalhos analisados, características morfológicas e qualitativas são definidas e avaliadas, compreendendo desde estruturas hialinas, formatos, tamanho de conídio e conidióforo, coloração micelial, coloração dos ascos, cleistotécios, formato de conídios, tamanhos, forma catenulada ou pseudocatenulada (TAKAMATSU et al., 2007; MEEBOON; HIDAYAT; TAKAMATSU, 2013; MEEBOON; DIVARANGKON; TAKAMATSU, 2013).

Dessa forma, é possível inferir que mesmo com os avanços necessários e contínuos a biologia molecular, a fitopatologia ainda depende bastante da morfologia para fazer inferências e informações nas análises de resultados.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A presença de uma fase sexuada e uma assexuada nos fungos do gênero *Erysiphe* geraram dificuldades e convergências na taxonomia de algumas espécies durante a descrição e classificação taxonômica realizada pelos pesquisadores no passado, devido também à semelhança com espécies de outros gêneros.

Com o avanço da biologia molecular e um grande esforço dos pesquisadores no século XX, grandes alterações foram realizadas na taxonomia do grupo de fungos causadores de oídios.

CONCLUSÃO

Os isolados analisados formaram três cladogramas distintos e monofiléticos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIOS, G. N. Plant diseases caused by fungi. **Plant pathology**, v. 4, 2005.

ALMEIDA, A. M. et al. Caracterização de isolados de oídio de soja, feijão, girassol e plantas daninhas no Brasil usando sequências de rDNA-ITS. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 33, n. 1, p. 21-26, fev. 2008.

ALMEIDA, A. M.R.; MACHADO, C. C.; PANIZZI, M. C. C. Doenças do girassol; descrição de sintomas e metodologia para levantamento. **Embrapa Soja-Circular Técnica (INFOTECA-E)**, 1981.

ATTANAYAKE, R. N. et al. *Erysiphe trifolii*—a newly recognized powdery mildew pathogen of pea. **Plant pathology**, v. 59, n. 4, p. 712-720, 2010.

BERBARA, R. LL et al. III-Fungos micorrízicos arbusculares: muito além da nutrição. **Nutrição mineral de plantas. Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, Viçosa, MG**, p. 74-85, 2006.

BRAUN, U. et al. Phylogeny and taxonomy of powdery mildew fungi of *Erysiphe* sect. *Uncinula* on *Carpinus species*. **Mycological Progress**, v. 5, n. 3, p. 139-153, 2006.s. **Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, Viçosa, MG**, p. 74-85, 2006.

BRAUN, U.; TAKAMATSU, S. Phylogeny of *Erysiphe*, *Microsphaera*, *Uncinula* (*Erysipheae*) and *Cystotheca*, *Podosphaera*, *Sphaerotheca* (*Cystothecaceae*) inferred from rDNA ITS sequences—some taxonomic consequences. **Schlechtendalia**, Garten, v. 4, n. 1, p. 1-33, Feb. 2000.

CARDOSO, J. E.; VIANA, F. M. P.; FREIRE, F. C. O.; MARTINS, M. V. V. Doenças do cajueiro. In.: ARAÚJO, J. P. P. (Ed.) **Agronegócio caju: práticas e inovações**. Brasília, DF: Embrapa, 2013, parte 3, cap. 2, p. 217-238.

FREIRE, F. C. O. et al. Diseases of cashew nut plants (*Anacardium occidentale* L.) in Brazil. **Crop Protection**, v. 21, n. 6, p. 489-494, 2002.

MEEBOON, J.; DIVARANGKOON, R.; TAKAMATSU, Susumu. Two new species of *Erysiphe* sect. *Uncinula* (Erysiphales): *Erysiphe fernandoae* and *E. michikoa*. **Mycoscience**, v. 54, n. 1, p. 2-7, 2013.

NIINOMI, S.; TAKAMATSU, S.; HAVRYLENKO, Maria. Molecular data do not support a southern hemisphere base of *Nothofagus* powdery mildews. **Mycologia**, v. 100, n. 5, p. 716-726, 2008.

GARIBALDI, A. et al. 1062601. First Report of Powdery Mildew Incited by *Erysiphe heraclei* on English Ivy (*Hedera helix*) in Italy. **Plant disease**, v. 92, n. 2, p. 313-313, 2008.

HELUTA, V. et al. *Erysiphe kenjiana* (Erysiphales), a new invasive fungus in Europe. **Mycological progress**, v. 8, n. 4, p. 367, 2009.

RODRÍGUEZ-ALVARADO, G. et al. First report of powdery mildew on carrot caused by *Erysiphe heraclei* in Michoacan, Mexico. **Plant Disease**, v. 94, n. 4, p. 483-483, 2010.

SAENZ, G. S.; TAYLOR, J. W. Phylogeny of the Erysiphales (powdery mildews) inferred from internal transcribed spacer ribosomal DNA sequences. **Canadian Journal of Botany**, v. 77, n. 1, p. 150-168, 1999.

SEKO, Y. et al. Molecular evidence in support of recent migration of a powdery mildew fungus on *Syringa* spp. into Europe from East Asia. **Plant Pathology**, v. 57, n. 2, p. 243-250, 2008.

TAKAMATSU, S. et al. Comprehensive molecular phylogenetic analysis and evolution of the genus *Phyllactinia* (Ascomycota: Erysiphales) and its allied genera. **Mycological Research**, v. 112, n. 3, p. 299-315, 2008.

TAKAMATSU, S. et al. Phylogeny and taxonomy of the oak powdery mildew *Erysiphe alphitoides* sensu lato. **Mycological research**, v. 111, n. 7, p. 809-826, 2007.

TAKAMATSU, S. et al. Phylogenetic relationships of *Microsphaera* and *Erysiphe* section *Erysiphe* (powdery mildews) inferred from the rDNA ITS sequences. **Mycoscience**, v. 40, n. 3, p. 259-268, 1999.

TAKAMATSU, S.; HIRATA, T.; SATO, Y.. Phylogenetic analysis and predicted secondary structures of the rDNA internal transcribed spacers of the powdery mildew fungi (Erysiphaceae). **Mycoscience**, v. 39, n. 4, p. 441-453, 1998.